

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION  
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
2 mai 2002 (02.05.2002)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
**WO 02/35236 A1**

(51) Classification internationale des brevets<sup>7</sup> :  
G01N 33/68, A61K 39/39

(21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/FR01/03352

(22) Date de dépôt international :  
26 octobre 2001 (26.10.2001)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :  
00/13883 27 octobre 2000 (27.10.2000) FR

(71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) : **PIERRE  
FABRE MEDICAMENT** [FR/FR]; 45, place Abel Gance,  
F-92100 Boulogne-Billancourt (FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : **JEANNIN,  
Pascale** [FR/FR]; 8, allée des Cèdres, F-74160 Saint Julien

en Genevois (FR). **MAGISTRELLI, Giovanni** [IT/FR];  
242, rue du Pré-Bailly, F-01170 Gex (FR). **HERBAULT,  
Nathalie** [FR/FR]; 394, rue des Frères, F-74350 Cruseilles  
(FR). **BONNEFOY, Jean-Yves** [FR/FR]; Les Noyers,  
F-74350 Le Sappey (FR).

(74) Mandataires : **MARTIN, Jean-Jacques** etc.; Cabinet  
Regimbeau, 20, rue de Chazelles, F-75847 Paris Cedex 17  
(FR).

(81) États désignés (national) : AU, BR, CA, CN, JP, MX, US,  
ZA.

(84) États désignés (régional) : brevet européen (AT, BE, CH,  
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT,  
SE, TR).

Déclaration en vertu de la règle 4.17 :

— relative à la qualité d'inventeur (règle 4.17.iv)) pour US  
seulement

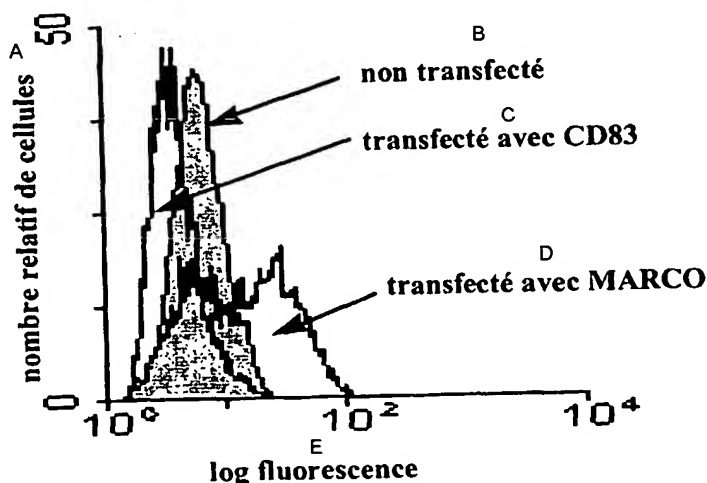
Publiée :

— avec rapport de recherche internationale

[Suite sur la page suivante]

(54) Title: METHOD FOR IDENTIFYING NOVEL MOLECULES BINDING WITH THE SCAVENGER RECEPTORS AND  
SIGNALLED VIA A TOLL RECEPTOR

(54) Titre : PROCEDE D'IDENTIFICATION DE NOUVELLES MOLECULES SE LIANT AUX RECEPTEURS SCAVENGERS  
ET SIGNALEES VIA UN RECEPTEUR TOLL



A...RELATIVE NUMBER OF CELLS  
B...NON-TRANSFECTED  
C...TRANSFECTED WITH CD83  
D...TRANSFECTED WITH MARCO  
E...FLUORESCENCE LOG

(57) Abstract: The invention concerns a method for identifying novel molecules binding with scavenger receptors and signalled via a Toll receptor, and the use of said identified novel molecules for preparing a pharmaceutical composition, in particular for prophylactic or therapeutic treatment of viral, bacterial, parasitic and fungal infections or for prophylactic or therapeutic treatment of cancers.

(57) Abrégé : L'invention concerne un procédé d'identification de nouvelles molécules se liant aux récepteurs scavengers et signalées via un récepteur Toll, tout comme l'utilisation de ces nouvelles molécules identifiées pour la préparation d'une composition pharmaceutique, notamment destinée au traitement prophylactique ou thérapeutique des infections virales, bactériennes, parasitaires et fongiques ou au traitement prophylactique ou thérapeutique des cancers.

BEST AVAILABLE COPY

WO 02/35236 A1



— avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si des modifications sont reçues

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

## PROCEDE D'IDENTIFICATION DE NOUVELLES MOLECULES SE LIANT AUX RECEPTEURS SCAVENGERS ET SIGNALEES VIA UN RECEPTEUR TOLL.

L'invention concerne un procédé d'identification de nouvelles molécules se liant  
5 aux récepteurs scavengers et signalées via un récepteur Toll, tout comme l'utilisation de  
ces nouvelles molécules identifiées pour la préparation d'une composition  
pharmaceutique, notamment destinée au traitement prophylactique ou thérapeutique des  
infections virales, bactériennes, parasitaires et fongiques ou au traitement  
prophylactique ou thérapeutique des cancers.

10 La vaccination est un moyen efficace de prévenir ou de réduire les infections  
virales ou bactériennes. Le succès des campagnes de vaccination dans ces domaines a  
permis d'étendre le concept de vaccin jusqu'alors utilisé dans le domaine de  
l'infectiologie aux domaines du cancer et des maladies auto-immunes. Les antigènes  
vaccinaux administrés seuls chez l'hôte ne sont souvent pas assez immunogéniques pour  
15 induire une réponse immunitaire, et doivent donc être associés à un adjuvant ou couplés  
à une protéine porteuse pour induire (ou augmenter) leur immunogénicité. Dans ces  
conditions, seule une réponse immune de type humorale peut être induite, réponse au  
cours de laquelle les antigènes exogènes sont présentés dans le contexte des molécules  
du MHC classe II aux lymphocytes T CD4.

20 Ainsi, de nouveaux porteurs ou adjuvants permettant d'augmenter ou d'induire  
l'immunogénicité sont constamment recherchés.

De plus, dans le cadre d'une thérapie antivirale, la génération de lymphocytes T  
cytotoxiques (CTL) capables de reconnaître et de détruire le virus est de toute  
importance (Bachmann et al., Eur. J. Immunol., 24, 2228-2236, 1994 ; Borrow P., J.  
25 Virol. Hepat., 4, 16-24, 1997), comme l'attestent de nombreuses études montrant, *in*  
*vivo*, le rôle protecteur des réponses dirigées contre les épitopes viraux (Arvin AM, J.  
Inf. Dis., 166, S35-S41, 1992 ; Koszinowski et al., Immunol. Lett., 16, 185-192, 1987).  
L'importance des réponses CTL a aussi été fortement documentée dans les réponses  
antitumorales notamment celles dirigées contre les cellules de mélanome (revue dans  
30 Rivoltini et al., Crit. Rev. Immunol., 18, 55-63, 1998). Le ou les épitopes CTL  
(séquences peptidiques interagissant avec les molécules de classe I et présentées aux  
lymphocytes T CD8+) ont été définis pour plusieurs antigènes. Cependant, la difficulté

réside dans la génération de CTL *in vivo*, due à la faible immunogénicité de ces peptides (Melief, Adv. Cancer Res., 58, 143-175, 1992 ; Nandaz et Sercarz, Cell, 82, 13-17, 1995).

Des recherches s'orientent par conséquent vers l'identification de nouveaux adjuvants, ou de système de délivrance d'antigènes («delivery system»), permettant d'induire des CTL. Grâce à leur efficacité à présenter les antigènes et à stimuler le système immunitaire, les cellules dendritiques, par exemple, ont été utilisées pour générer des réponses CTL antivirales (Ludewig B et al., J. Virol., 72, 3812-3818, 1998 ; Brossard P. et al., J. Immunol., 158, 3270-3276, 1997) ou anticancéreuses (Nestle F.O. et al., Nat. Med., 4, 328-332, 1998).

Les cellules dendritiques (DC) sont les cellules présentatrices d'antigène les plus efficaces et en particulier les seules capables d'initier une réponse CTL (Banchereau, J. et al., Nature, 392, 245-252, 1998, et Watts, C., Nature Cell Biol., 1, 152-154, 1999). Les DC sont la cible de nombreuses stratégies vaccinales (Timmerman J. M., et al., Annu. Rev. Med., 50, 507-529, 1999). En effet, de nombreux arguments expérimentaux montrent que ce sont les DC immatures qui seraient capables dans certaines conditions de présenter les antigènes exogènes dans le CMH de classe I aux CTL. Les DC existent dans deux états de différenciation. Les DC présentes dans les tissus périphériques sont immatures et agissent comme des sentinelles qui capturent les antigènes exogènes. Après un contact avec les antigènes ou des signaux de stress, elles subissent un processus de maturation, acquièrent l'expression de nombreuses molécules de costimulation et migrent dans les ganglions ou elles présentent l'antigène aux lymphocytes T naïfs. Le phénomène de cross-présentation (encore connu sous le nom de cross-priming) qui permet à un antigène exogène d'accéder à une présentation dans les molécules des MHC classe I est actuellement très étudié (Yewdell J. W., et al., Adv. Immunol., 73, 1-77, 1999). Il est actuellement admis que la façon dont l'antigène est capturé joue un rôle. Bien qu'il ait été observé que des antigènes internalisés par des moyens non spécifiques de type phagocytose ou macropinocytose étaient dans certains cas présentés par des DC ou des macrophages dans le contexte des CMH classe I, il est maintenant admis que la capture des antigènes par le biais d'un récepteur favorise l'accès des antigènes au cytosol des APC et donc à la présentation dans le CMH classe I. Des exemples sont fournis par les immuncomplexes et les HSP qui sont capturés par

les DC via des récepteurs spécifiques et qui sont présentés dans les molécules du CMH de classe I (Rodriguez A., et al., Nat. Cell Biol., 1, 362-368, 1999).

Des approches vaccinales ont ainsi consisté à charger les cellules dendritiques *ex vivo* avec l'antigène d'intérêt (peptides ou lysat cellulaire) et réimplanter ces cellules chez le patient. D'autres approches consistent à transfecter *ex vivo* les cellules dendritiques avec le gène codant pour l'antigène d'intérêt et à réinjecter ces cellules transfectées (Gilboa E. et al., Cancer Immunol. Immunother., 46, 82-87, 1998). Ces approches ont été utilisées avec succès chez la souris et chez l'homme (Hsu F.J. et al., Nat. Med., 2, 52-58, 1996) mais restent néanmoins complexes dans la mesure où ces cellules doivent être traitées *ex vivo* (transformation des cellules ou internalisation des antigènes) et transplantées dans l'organisme hôte. De même, l'utilisation de particules de type viral (Layton G.T. et al., J. Immunol., 151, 1097-1107, 1993) ou de l'adjuvant incomplet de Freund (IFA) (Valmori et al., Eur. J. Immunol., 24, 1458-1462, 1994) permet de générer des réponses CTL. Toutefois, une vaccination antivirale ou antitumorale réalisée avec des peptides correspondant à des épitopes CTL et en présence d'un tel adjuvant peuvent conduire à un état de tolérance spécifique qui peut conduire dans certains cas à l'effet contraire recherché, c'est-à-dire à une diminution de la réponse immune (Toes et al., Proc. Nat. Acad. Sci., USA, 93, 7855-7860, 1996).

Ainsi, il existe aujourd'hui un grand besoin de disposer d'un composé qui, associé à une molécule, notamment un antigène ou haptène, soit capable de générer une réponse immunitaire, et notamment une réponse CTL, dirigée contre ladite molécule. Un tel composé pourrait en particulier être utilisé pour la préparation d'une composition vaccinale destinée à induire une protection immunitaire, notamment de type CTL, antiviral, antibactérienne, antifongique, antiparasitaire ou antitumorale.

On recherche également de nouvelles molécules pour le ciblage spécifique d'une substance biologiquement active vers les cellules présentatrices d'antigènes, telles que les cellules dendritiques, les macrophages, les lymphocytes B ou les monocytes.

En effet, on recherche des nouvelles molécules qui, associées avec une substance biologiquement active telle que des antigènes ou des facteurs de croissance cellulaire, peuvent se fixer spécifiquement sur les cellules présentatrices d'antigènes et/ou être internalisées dans lesdites cellules et ainsi être capable d'exercer une activité thérapeutique modulée par l'intermédiaire des cellules présentatrices d'antigène.

Les scavengers récepteurs sont des protéines exprimées à la surface de nombreuses cellules et en particulier des cellules présentatrices d'antigènes professionnelles que sont les DC et les macrophages (Medzhitov R. et al., Curr. Opin. Immunol., 9, 4-9, 1997, et Lebecque S., Vaccine, 25, 1603-1605, 2000). Ils lient  
5 notamment les lipoprotéines modifiées chimiquement. Plusieurs familles de scavengers récepteurs ont été identifiées, chaque famille pouvant contenir plusieurs membres. Ils lient un large panel de ligands différents. En particulier, certains scavengers récepteurs sont impliqués dans la réponse antibactérienne et lient des molécules bactériennes telles que le LPS ou l'acide lipotéchoïque. La liaison est suivie par une endocytose de la  
10 molécule.

La demande EP 0 783 892 décrit une méthode pour augmenter l'immunogénicité dans laquelle un antigène et un ligand d'un récepteur scavenger sont conjugués à un adjuvant. La demande EP 0 808 899 a pour objet le récepteur scavenger humain Marco et décrit une méthode d'identification de composés qui se lient et qui activent ou  
15 inhibent ce récepteur. La demande WO 99/14329 divulgue quant à elle un nouveau récepteur Marco, nommé MCCOL.

La molécule Toll a été initialement décrite comme un récepteur transmembranaire chez la drosophile impliqué dans l'embryogénèse et la réponse antifongique. Une activation via Toll induit une interaction et la stimulation de molécules  
20 de signalisation intracellulaire homologue aux facteurs de transcription de NFkB, en aval du récepteur à l'interleukine-1 chez les mammifères. Une famille de récepteurs humains structurellement identiques à la molécule Toll de la drosophile a été identifiée (Bowie A., et al., J. Leuk. Biol. 67, 508-514, 2000; Muzion M., et al., Microbes & infec., 2, 251-255, 2000). Cette famille de molécules contient actuellement 6 membres.  
25 A l'exception de Tlr 2 et Tlr 4, les ligands ne sont pas connus. L'activation de Tlr 2 et 4 est associée à une activation de NFkB; la production de cytokines proinflammatoires. Les molécules Tlr 2 et 4 jouent un rôle crucial dans la réponse à un signal de danger, en particulier en réponse à des agents étrangers comme les bactéries. De nombreux constituants bactériens, tels que des séquences d'ADN de type CPG ou des constituants  
30 de la paroi de type LPS, lipoprotéines ou LTA activent les APC et les cellules de l'innate immunity via les TIR (Rescigno M. et al., Immunol. today, 20, 200-203, 1999). En particulier les cellules dendritiques (Muzio M. et al., J. Immunol., 164, 5998-6004,

2000) et les macrophages expriment de nombreux Tlr qui leur permettent de répondre aux agressions microbiennes.

Des récepteurs humains type TOLL sont décrits dans la demande WO 98/50547 qui a encore pour objet des ligands de ces récepteurs. Les demandes WO 99/20756 et  
5 WO 00/24776 décrivent également des homologues Humain Toll.

L'OmpA de *Klebsiella pneumoniae*, protéine majeure de la membrane externe (baptisée P40) présente une activité de protéine porteuse, par voie systémique, pour des antigènes sous-unitaires peptidiques (demandes de brevet WO 95/27787 et WO 96/14415 ; Haeuw et al., Eur. J. Biochem., 255, 446-454, 1998 ; Plotnicky-Gilquin et  
10 al., J. Virol., 73, 5637-5645, 1999) et polysaccharidiques (demande de brevet WO 97/41888 ; Raully et al., Infect. Immun., 67, 5547-5551, 1999).

Les HSP (Heat Shock Protein) sont des molécules chaperonnes qui contrôlent le repliement des protéines et évitent leur agrégation; elles sont fortement conservées lors de l'évolution (Feldman, D. E., et al., Curr. Opin. Struct. Biol., 10, 26-33, 2000). De  
15 nombreuses études ont démontré que les HSP peuvent être utilisées comme protéines porteuses et favorisent une réponse immune contre des peptides ou des oligosaccharides (Lussow, A.R., et al., Eur. J. Immunol., 21, 2297-2302, 1991). Les HSP n'induisent pas de suppression épitopique (Barrios, C., et al., Eur. J. Immunol., 22, 1365-1372, 1992) et sont efficaces en absence d'adjuvant (Barrios et al., 1992) suggérant que les HSP  
20 peuvent être considérées comme des adjuvants en tant que tels (Blachere, N.E., et al., J. Exp. Med., 186, 1315-1322, 1997).

L'utilisation potentielle des HSP en immunothérapie antitumorale est actuellement très étudiée (Srivastava, P.K., et al., Immunity, 8, 657-665, 1998). Les HSP isolées des cellules tumorales engendrent une puissante réponse CTL CD8+  
25 protectrice et spécifique de la tumeur (Srivastana, P.K., et al., Immunogenetics, 39, 93-98, 1994 ; Tamura, Y. et al., Science, 278, 117-120, 1997). Cette propriété provient de la capacité des HSP à se lier de façon non covalente à des peptides antigéniques spécifiques des tumeurs (Udono, H., et al., J. Exp. Med., 178, 1391-1396, 1993 ; Tamura, Y., et al., 1997 ; Nieland, T.J., et al., Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 93, 6135-  
30 6139, 1996). Parmi les différentes HSP testées, gp96 (un homologue endoplasmique de la HSP90) et la HSP70 sont les plus utilisés dans des vaccins anti-tumoraux

prophylactiques ou thérapeutiques contre différents types de tumeurs (Udono, H., et al., J. Immunol., 152, 5398-5403, 1994 ; Tamura et al., 1997).

Il semblerait que la HSP 60 se liait au Tlr4 (Tlr pour « Toll-Like Receptor », récepteur Toll apparenté ou récepteur de type Toll) (Ohashi K., et al., J. Immunol., 164:558-561, 2000).

De manière surprenante, il a maintenant été mis en évidence que les OmpA et les HSP se liaient aux récepteurs scavengers. De manière encore plus surprenante, il a aussi été déterminé que ces mêmes molécules étaient en outre signalées via un récepteur Toll.

La présente invention a ainsi pour objet un procédé d'identification de nouvelles molécules d'intérêt thérapeutique, caractérisé en ce qu'on sélectionne les molécules qui se lient aux récepteurs scavengers et qui sont signalées via un récepteur Toll.

Ce procédé, et les nouvelles molécules sélectionnées, pourront ainsi répondre aux problèmes mentionnés ci-dessus, à savoir trouver de nouveaux porteurs ou adjuvants permettant d'augmenter ou induire l'immunogénicité notamment de type humorale, de nouveaux composés qui, associés à une molécule, notamment un antigène ou haptène, soient capables de générer une réponse CTL, tout comme de nouveaux composés capables de cibler les cellules présentatrices d'antigènes, de préférence celles exprimant un récepteur scavenger, et notamment les cellules dendritiques de préférence immatures.

Par cellules présentatrices d'antigènes (CPA ou APC), on entendra désigner dans la présente invention, les cellules CPA professionnelles formant partie intégrante du système immunitaire telles que les cellules dendritiques, les macrophages, les lymphocytes B ou les monocytes, notamment les cellules dendritiques immatures.

Dans la présente invention, on entendra désigner également par le terme «peptide» les protéines ou les polypeptides, termes qui seront ici employés indifféremment.

Selon l'invention, il est possible d'utiliser tout type de récepteur scavenger, de préférence d'origine humaine, et notamment les récepteurs SR-A1, SR-B1, SR-C1, Marco, LOX, notamment LOX-1, CD36. Les récepteurs décrits dans les demandes EP 0 783 892 et EP 0 808 899 (séquences nucléotidiques SEQ ID No. 1 et SEQ ID No. 5, et



les séquences protéiques SEQ ID No. 2 et SEQ ID No. 6) et WO 99/14329 (séquence nucléotidique SEQ ID No. 2 et séquence protéique SEQ ID No. 1) pourront être utilisés.

Pour les récepteurs LOX, on pourra également se référer aux récepteurs décrits dans les demandes WO 99/32520 (récepteur LOX-1 humain et bovin respectivement de  
5 séquence peptidique SEQ ID No. 1 et No. 2, et leur séquence nucléique respective SEQ ID No. 5 et No. 6 dans ce document), WO 96/17058 (et particulièrement les séquences nucléiques et protéiques des récepteurs LOX d'origine bovine et humaine identifiées par les séquences SEQ ID No. 1, SEQ ID No. 2 et SEQ ID No. 3 dans ce document), US  
10 5,510,466 (dont les séquences nucléiques et protéiques sont représentées aux figures 3A à 4D de ce document), US 5,665,872 (et particulièrement la séquence nucléique SEQ ID No. 1 et la séquence protéique SEQ ID No. 3) et US 5,521,071 (et particulièrement la séquence nucléique SEQ ID No. 1 et protéique SEQ ID No. 2) pourront être utilisés, de même que le récepteur LOX, dénommé HORL, dont les séquences nucléique et peptidique sont décrites dans le brevet US 5,945,308.

15 Dans un mode de réalisation préféré de l'invention, le récepteur scavenger utilisé correspond au récepteur Marco, en particulier le récepteur Marco humain dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accèsion A.N. NM 006770 (dont les séquences nucléique et protéique sont respectivement représentées par les séquences SEQ ID No. 1 et No. 2  
20 dans la liste des séquences ci-après) ou au récepteur LOX-1, en particulier le récepteur LOX-1 humain dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur LOX-1 humain est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accèsion A.N. AB 010710 (dont les séquences nucléique et protéique sont respectivement représentées par les séquences SEQ ID No. 3 et No. 4 dans la liste des séquences ci-après).

25 De même, tout type de récepteur Toll peut être utilisé. Ainsi, dans le cadre de la présente invention, le terme "récepteur Toll" désignera la molécule Toll de la drosophile tout comme les récepteurs humains structurellement identiques et notamment les récepteurs Tlr 1, 2, 3, 4, 5 ou 6. Les récepteurs humains type Toll décrits dans les demandes WO 98/50547 (séquences protéiques SEQ ID No. 4, SEQ ID No. 6, SEQ ID  
30 No. 26, SEQ ID No. 10, SEQ ID No. 12, SEQ ID No. 16, SEQ ID No. 18, SEQ ID No. 32, SEQ ID No. 22 et SEQ ID No. 34 et leurs séquences nucléiques codantes

correspondantes), WO 99/20756 (SEQ ID No. 1, SEQ ID No. 3, SEQ ID No. 13) et WO 00/24776 pourront être utilisés.

Dans un mode de réalisation préféré de l'invention, le récepteur Toll utilisé correspond au récepteur Tlr 2 ou Tlr 4, en particulier le récepteur Tlr 2 humain dont la  
5 séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accèsion A.N. U88878 (dont les séquences nucléique et protéique sont respectivement représentées par les séquences SEQ ID No. 5 et No. 6 dans la liste des séquences ci-après) ou Tlr 4 humain dont la séquence de l'ADNc  
10 d'accèsion A.N. U88880 (dont les séquences nucléique et protéique sont respectivement représentées par les séquences SEQ ID No. 7 et No. 8 dans la liste des séquences ci-après).

Selon l'invention, on pourra également utiliser :

- tout récepteur scavenger, de préférence d'origine humaine, notamment les  
15 récepteurs SR-A1, SR-B1, SR-C1, Marco, LOX, de préférence LOX-1, CD36 dont les séquences, nucléiques codantes ou d'acides aminés, présentent un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence d'au moins 90 %, 95 % et 99 % avec leur séquence sauvage, notamment les séquences dont il fait référence ci-avant ;

- ou tout fragment de cesdits récepteurs scavengers comprenant le site de  
20 fixation à son ou à ses ligands naturels.

Selon l'invention, on pourra également utiliser :

- tout récepteur Toll, notamment les récepteurs humains structurellement identiques et de préférence les récepteurs Tlr 1, 2, 3, 4, 5 ou 6, dont les séquences, nucléiques codantes ou d'acides aminés, présentent un pourcentage d'identité d'au  
25 moins 80 %, de préférence d'au moins 90 %, 95 % et 99 % avec leur séquence sauvage, notamment les séquences dont il fait référence ci-avant pour ces récepteurs ;

- ou tout fragment de cesdits récepteurs Toll comprenant le domaine responsable de la médiation du signal d'activation des cellules.

Dans la présente description, par « pourcentage d'identité » entre deux  
30 séquences d'acide nucléique ou d'acides aminés au sens de la présente invention, on entend désigner un pourcentage de nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux séquences à comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce

pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur toute leur longueur. Le meilleur alignement ou alignement optimal est l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité entre les deux séquences à comparer, comme calculé ci-après, est le plus élevé. Les comparaisons de séquences

5 entre deux séquences d'acide nucléique ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par « fenêtre de comparaison » pour identifier et comparer les régions locales de similarité de séquence. L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, outre manuellement, au

10 moyen de l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981) [Ad. App. Math. 2:482], au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Neddleman et Wunsch (1970) [J. Mol. Biol. 48:443], au moyen de la méthode de recherche de similarité de Pearson et Lipman (1988) [Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444], au moyen de logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, FASTA et TFASTA dans le

15 Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI, ou encore BLASTN ou BLASTX, Altschul et al., J. Mol. Biol. 215,403,1990).

Le pourcentage d'identité entre deux séquences d'acide nucléique ou d'acides aminés est déterminé en comparant ces deux séquences alignées de manière optimale

20 par fenêtre de comparaison dans laquelle la région de la séquence d'acide nucléique ou d'acides aminés à comparer peut comprendre des additions ou des délétions par rapport à la séquence de référence pour un alignement optimal entre ces deux séquences. Le pourcentage d'identité est calculé en déterminant le nombre de positions identiques pour lesquelles le nucléotide ou le résidu d'acide aminé est identique entre les deux

25 séquences, en divisant ce nombre de positions identiques par le nombre total de positions dans la fenêtre de comparaison et en multipliant le résultat obtenu par 100 pour obtenir le pourcentage d'identité entre ces deux séquences.

Les molécules à sélectionner (et, le cas échéant, à identifier si elles sont de structure inconnue ou si lesdites molécules sont sélectionnées à partir d'un mélange de

30 composés connus ou inconnus) peuvent être choisies parmi toutes catégories de molécules naturelles ou synthétiques. Ainsi, l'invention n'est nullement limitée à un type de molécules à sélectionner mais également, et de préférence, permet d'identifier de

nouveaux composés à partir de molécules très diverses, comme par exemple des molécules chimiques ou biologiques, des extraits cellulaires, notamment de bactéries, des extraits de plantes, etc..

On pourra, de façon préférée, tester des extraits membranaires, et plus  
5 préférentiellement solubles, de pathogènes (bactéries, parasites, etc.) et de cellules eucaryotes, notamment humaines.

Dans un mode de réalisation de l'invention, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce qu'il comprend les deux étapes distinctes suivantes (étapes réalisées séparément) :

- 10 a) la sélection des molécules qui se lient aux récepteurs scavengers ; et  
b) la sélection, parmi les molécules sélectionnées à l'étape a), des molécules qui fournissent un signal d'activation via un récepteur Toll.

De préférence, le procédé d'identification selon l'invention pour l'identification de nouvelles molécules d'intérêt thérapeutique se liant à un récepteur scavenger est  
15 caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- 1) la mise en contact d'une molécule, ou d'un mélange de molécules, connue ou inconnue à tester avec un récepteur scavenger, dans un milieu permettant la fixation éventuelle d'une molécule testée avec ledit récepteur scavenger ;  
2) la mise en évidence de la fixation ou non de ladite molécule testée avec ledit  
20 récepteur scavenger ; et  
3) la sélection de cette molécule si sa fixation avec ledit récepteur scavenger a été mise en évidence à l'étape 2).

Ledit récepteur scavenger, ou un de ses fragments comprenant son site de fixation spécifique, utilisé à l'étape 1) pourra être isolé ou purifié à partir de culture de  
25 cellules exprimant naturellement ce récepteur. De préférence, ledit récepteur scavenger utilisé à l'étape a), ou l'un de ses fragments comprenant son site de fixation spécifique, notamment sa fraction soluble dépourvue de son domaine transmembranaire, sera de nature recombinante, soit isolé et/ou purifié à partir de cultures de cellules hôtes transformées avec un ADN codant pour ledit récepteur, ou soit sous forme de cesdites  
30 cellules hôtes exprimant à leur surface ledit récepteur scavenger.

Dans un mode de réalisation préféré, l'invention concerne un procédé d'identification selon l'invention, caractérisé en ce que la sélection des molécules

capables de se lier au récepteur scavenger est réalisée par une méthode choisie parmi les méthodes suivantes :

- une chromatographie d'affinité,
- une identification par FACS des molécules se liant à des cellules transfectées
- 5 par un récepteur scavenger ;
- une technique de type BIACORE ; ou
- un clonage par expression à partir d'une sonde portant un récepteur scavenger, tel qu'un screening en utilisant comme sonde une forme soluble d'un récepteur scavenger, le domaine extracellulaire du récepteur scavenger pouvant être fusionné à
- 10 une chaîne lourde d'immunoglobuline.

La technique dite de chromatographie d'affinité connue de l'homme du métier pourra être réalisée en utilisant des formes recombinantes des récepteurs scavengers, immobilisées sur une résine. Idéalement, les formes recombinantes des récepteurs scavengers, seront composées uniquement des domaines extracellulaires des formes

15 recombinantes des récepteurs scavengers, fusionnées ou non à une séquence Tag (c-myc, His<sub>6</sub>, chaîne lourde de l'immunoglobuline  $\gamma$ 1 murine, GST (Glutathion S-Transférase), ...). Les molécules recombinantes pourront être produites en système procaryote ou eucaryote (cellules COS, CHO ou cellules d'insecte). Les molécules recombinantes seront fixées sur une résine adaptée en utilisant des techniques

20 conventionnelles incluant le couplage chimique à une matrice de colonne appropriée telle que l'agarose, Affi Gel, ou d'autres matrices connues de l'homme de l'art. Les molécules à tester décrites ci-dessus telles que des extraits protéiques totaux issus de bactéries, parasites, virus, cellules eucaryotes pourront être incubés avec ces résines sont ensuite déposées sur la colonne. Les molécules interagissant avec ledit récepteur

25 scavenger, sont retenues par la colonne et peuvent être isolées par élution.

L'identification par FACS (« Fluorescence Activated Cells Sorting ») est une technique connue de cytométrie en flux, et permet d'analyser la fixation de la molécule testée sur des transfectants stables exprimant un récepteur scavenger. Les transfectants stables peuvent être générés dans des cellules hôtes qui n'expriment peu ou pas de

30 récepteur scavenger comme les cellules CHO. Pour identifier les molécules ayant la capacité de se fixer aux récepteurs scavengers, il sera possible de créer une banque d'expression. Brièvement, les ADNc ou l'ADN génomique issu de bactéries, parasites,

cellules eucaryotes, etc., seront insérés dans un vecteur d'expression procaryote permettant la production de molécules recombinantes solubles et taggées (marquées) (idéalement, nous choisirons un Tag (ou marqueur) détectable par un anticorps compatible avec un screening par cytofluorométrie). Les molécules recombinantes  
5 produites par les clones bactériens seront sélectionnées sur la capacité à se fixer aux transfectants stables exprimant un récepteur scavenger. L'ADN plasmidique pourra ensuite être identifié par séquençage.

Dans d'autres méthodes, les molécules susceptibles d'interagir avec ledit récepteur scavenger, peuvent être liées à des marqueurs détectables tels que des  
10 marqueurs radioactifs, fluorescents ou enzymatiques. Ces molécules marquées sont mises en contact avec ledit récepteur scavenger immobilisé, dans des conditions permettant une interaction spécifique. Après élimination des molécules non fixées spécifiquement, les molécules liées sont détectées par des moyens appropriés.

La technologie du BIACORE peut également être utilisée pour effectuer le  
15 criblage de composés capables d'interagir avec ledit récepteur scavenger. Cette technologie permet de détecter des interactions entre molécules en temps réel sans utilisation de marquage. Elle est basée sur le phénomène de SPR (surface plasmon resonance). Un des principaux avantages de cette méthode est qu'elle permet la détermination des constantes d'association entre le récepteur et les molécules  
20 interagissant. Ainsi, il est possible de sélectionner spécifiquement les molécules interagissant avec de fortes ou de faibles constantes d'association.

Le clonage par expression peut aussi être effectué à partir d'une sonde constituée du domaine extracellulaire du récepteur scavenger, fusionné à un Tag, idéalement une chaîne lourde d'immunoglobuline murine. La détection de cette molécule pourra se faire  
25 à l'aide d'un anticorps anti-immunoglobuline murine marquée à un fluor, un fluorochrome (Alexa ou FITC) ou de billes magnétiques coatées avec un anticorps anti-Ig de souris. Les banques d'expression (procaryotique ou eucaryotique) construites avec de l'ADNc ou de l'ADN génomique provenant de bactéries, virus, parasites, cellules eucaryotes, etc., seront screenées à l'aide des formes recombinantes solubles des  
30 récepteurs scavengers. Les clones ainsi isolés pourront être identifiés par séquençage.

Par exemple, mais sans s'y limiter, on pourra également mettre en œuvre dans les procédés d'identification selon l'invention une autre méthode d'identification de

molécules capables d'interagir avec ledit récepteur scavenger, utilisant un système de double hybrides bactériens ou levures tel que le Matchmaker Two Hybrid System 2. Selon les instructions du manuel accompagnant le Matchmaker Two Hybrid System 2 (Catalogue N° K1604-1, Clontech), lorsque par exemple les molécules à tester sont des peptides non connus dont les ADNc sont clonés dans des banques de plasmides.

On peut également citer une autre méthode d'identification pour mettre en évidence l'interaction dudit récepteur scavenger, avec des petites molécules telles que celles générées par chimie combinatoire, mettant en œuvre une microdialyse couplée à une HPLC ou une électrophorèse capillaire d'affinité, techniques connues de l'homme de l'art.

Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que ledit récepteur scavenger est choisi parmi les récepteurs SR-A1, SR-B1, SR-C1, Marco, LOX, notamment LOX-1, CD36, de préférence d'origine humaine, et notamment les récepteurs dont les références aux documents et/ou ont été décrits ci-avant, de manière tout à fait préférée, le récepteur scavenger Marco, en particulier celui dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accession A.N. NM 006770 ou le récepteur LOX-1, en particulier celui dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur LOX-1 humain est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accession A.N. AB 010710, ou les récepteurs dont la séquence peptidique ou nucléique présente au moins un des pourcentages d'identité préférés cités ci-avant, ou leur fragment comprenant le site de fixation de ces récepteurs.

Dans un mode de réalisation préféré, la deuxième étape b) du procédé d'identification selon l'invention comprend une étape d'identification de la molécule Toll associée à la signalisation cellulaire consécutivement à la fixation de la molécule identifiée sur le récepteur scavenger.

De préférence ladite deuxième étape b) comprend les étapes suivantes :

A) la mise en contact de ladite molécule sélectionnée à ladite première étape a) du procédé général en deux étapes avec une cellule exprimant ledit récepteur Toll, de préférence transfectée avec un acide nucléique codant pour ledit récepteur Toll et de préférence en outre avec un acide nucléique codant pour ledit récepteur scavenger ce dernier étant de préférence aussi identique au récepteur scavenger utilisé à l'étape a) ;

B) la mesure d'un marqueur significatif d'une activation cellulaire, de préférence médiée par ledit récepteur Toll, de manière plus préférée la mesure de la production d'une ou de plusieurs cytokines ;

- 5 C) la sélection de ladite molécule, si la mesure met en évidence la génération ou l'augmentation d'une activité cellulaire, de préférence par rapport à un contrôle témoin, de préférence le contrôle témoin est une cellule n'exprimant pas ledit récepteur Toll, mais pouvant, de préférence, exprimer ledit récepteur scavenger, notamment le récepteur scavenger utilisé à l'étape a).

- 10 L'activation cellulaire peut être mesurée en évaluant la production de cytokines, l'expression de molécules de surface ou par toute technique connue de l'homme du métier à cet effet. On pourra ainsi notamment utiliser des transfectants stables exprimant conjointement le scavenger récepteur et un des Tlr, qui seront incubés avec la molécule identifiée.

- 15 Pour ce faire, il est possible d'incuber la molécule testée avec les transfectants et de suivre la production de cytokines (par exemple par ELISA), l'activation du facteur de transcription NF-kB (activation associée à la production de cytokines pro-inflammatoires) ou la modulation d'expression de molécules de surface (par exemple la molécule ICAM-1).

- 20 Il est aussi possible de mesurer un flux calcique (associé à la signalisation cellulaire) par une technique fluorométrique.

Les cellules transfectées sont obtenues à partir de cellules couramment utilisées à cet effet, telles que les cellules CHO, Cos ou HEK 293. Elles peuvent être transfectées de façon stable ou transitoire.

- 25 Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que ledit récepteur Toll est choisi parmi les récepteurs Toll apparentés Tlr 1, 2, 3, 4, 5 et 6, de préférence d'origine humaine, et notamment les récepteurs dont les références aux documents et/ou ont été décrits ci-avant, de manière tout à fait préférée le récepteur Tlr 2, en particulier celui dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro  
30 d'accèsion A.N. U88878 ou le récepteur Tlr 4, en particulier celui dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur humain est décrite dans la banque de données GenBank sous le numéro d'accèsion A.N. U8888, ou les récepteurs dont la séquence



peptidique ou nucléique présente au moins un des pourcentages d'identité préférés cités ci-avant, ou leur fragment Toll comprenant le domaine responsable de la médiation du signal d'activation des cellules.

5        Sous un autre aspect de l'invention, le procédé d'identification selon l'invention est, caractérisé en ce qu'il est mis en oeuvre en une seule étape  $\alpha$ ).

Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que l'unique étape  $\alpha$ ) met en oeuvre une cellule cotransfectée par un récepteur scavenger et un récepteur Toll.

10       Dans un mode de réalisation préféré de l'invention, cette seule étape met en oeuvre une cellule cotransfectée par un récepteur scavenger et un récepteur Toll à l'aide d'un vecteur d'expression eucaryotique permettant l'expression concomitante et à des niveaux équivalents des deux molécules recombinantes.

15       Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que l'unique étape  $\alpha$ ) met en oeuvre une cellule cotransfectée par un récepteur scavenger et un récepteur Toll.

Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que l'étape  $\alpha$ ) comprend les étapes suivantes :

20       X) la mise en contact d'une molécule, ou d'un mélange de molécules, connue ou inconnue, à tester avec une cellule hôte cotransfectée avec un acide nucléique codant pour un récepteur scavenger et un acide nucléique codant pour un récepteur Toll, dans un milieu permettant la fixation éventuelle de la ou desdites molécules testées avec ledit récepteur scavenger et/ou l'activation cellulaire éventuelle de ladite cellule médiée par ledit récepteur Toll ;

25       Y) la mise en évidence de l'activation cellulaire de ladite cellule médiée par ledit récepteur Toll par la mesure d'au moins un marqueur significatif d'une activation cellulaire, de préférence médiée par ledit récepteur Toll ; et

Z) la sélection de cette molécule si ladite mesure à l'étape Y) met en évidence la génération ou l'augmentation de ladite activité cellulaire mesurée, de préférence par rapport à un contrôle témoin.

30       Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification selon l'invention est caractérisé en ce que lesdits récepteurs Toll et scavengers, lesdits

marqueurs de mesure d'activité cellulaire utilisés sont de préférence ceux indiquées pour le procédé en deux étapes tels que décrits ci-avant.

Dans un mode de réalisation préféré, le procédé d'identification en une étape ou en deux étapes selon l'invention est caractérisé en ce qu'il comprend en outre une étape  
5 d'identification de la structure de la molécule sélectionnée si celle-ci n'est pas connue.

En effet, il sera possible d'utiliser dans les procédés selon la présente invention, une molécule à tester, prise de manière isolée et dont la structure n'est pas connue, ou un mélange de molécules à tester connues ou inconnues, dont les étapes du procédé ci-avant décrit permettront seulement d'identifier leur capacité fonctionnelle. Ladite étape  
10 d'identification de la structure aura pour objectif d'identifier la structure de la molécule inconnue ayant cette capacité, ou d'identifier parmi l'ensemble des molécules connues testées simultanément celle(s) présentant cette capacité.

Par exemple, de telles molécules à tester, seules ou en mélange, pourront être issues de synthèse chimique par chimie combinatoire, de banques de clones  
15 d'expression de peptides ou d'extraits naturels contenant des mélanges complexes.

Les molécules sélectionnées pourront ensuite être analysées, si nécessaire, par toute méthode d'analyse permettant de définir la structure d'un composé chimique ou biochimique connue de l'homme de l'art telle que, sans s'y limiter, par spectrométrie de masse, HPLC, infrarouges et/ou par RMN (Résonance Magnétique Nucléaire).

Dans un mode de réalisation préféré, l'invention concerne un procédé  
20 d'identification en une ou deux étapes selon l'invention, caractérisé en ce qu'il comprend en outre une étape de détermination de la capacité de ladite molécule ainsi identifiée d'être immunogène.

Dans ce mode préféré de réalisation de l'invention, après avoir réalisé le procédé  
25 selon l'invention, on effectue une étape supplémentaire consistant à analyser ou évaluer l'immunogénicité de la molécule sélectionnée.

Pour ce faire, on peut coupler un haptène (par exemple le TNP (Trinitrophényl)) ou antigène tel qu'un oligosaccharide, un lipide ou un peptide à la molécule identifiée. Des souris sont ensuite injectées par voie intra péritonéale ou sous-cutanée selon des  
30 protocoles connus de l'homme de métier. La production d'Ac anti-haptène, -oligosaccharide, -lipide ou -peptide est analysée par ELISA.

On pourra également évaluer la capacité de ladite molécule sélectionnée à générer et/ou à augmenter la réponse immune de type CTL par mesure de l'activité cytotoxique de cellules effectrices de type lymphocyte générées après immunisation avec ladite molécule sélectionnée, la mesure du pourcentage de lyse de cellules co-incubées avec lesdites cellules effectrices étant par exemple évaluée par le taux de relargage de  $^{51}\text{Cr}$  comme décrit par exemple, mais sans s'y limiter, dans la demande de brevet WO 00/48628 ou WO 00/48629 aux exemples 4 et 5.

Dans un mode de réalisation préféré, l'invention concerne un procédé d'identification selon l'invention, caractérisé pour l'identification de nouvelles HSP, de nouvelles Omp ou leurs analogues.

Par analogue d'HSP ou d'OmpA (« Outer Membrane Protéine de type A »), on entend désigner ici des composés capables d'exercer au moins l'une des fonctions d'adjuvant de l'immunité, et/ou de protéine porteuse favorisant une réponse immune efficace contre des peptides ou des oligosaccharides, notamment en absence d'adjuvant, notamment une réponse de type CTL, telle que décrite ci-avant dans le paragraphe concernant les HSP ou les OmpA.

Dans un mode de réalisation préféré, l'invention concerne un procédé d'identification selon l'invention, pour :

- l'identification en particulier de nouveaux adjuvants de l'immunité ; et/ou
- l'identification de molécule capable de cibler un composé tel qu'une substance à activité biologique, notamment un antigène ou haptène, qui lui est associé, de préférence par couplage covalent ou par affinité, vers une cellule exprimant ledit récepteur scavenger et dont l'activité cellulaire est médiée par un récepteur Toll apparentée, ledit composé associé à la molécule étant de préférence internalisée dans la cellule ciblée ; et/ou
- l'identification de molécule destinée à moduler l'activité biologique de composé (ou substance) qui lui est associé par l'intermédiaire des cellules exprimant ledit récepteur scavenger et dont l'activité cellulaire est médiée par un récepteur Toll apparentée, notamment les cellules présentatrices d'antigène comme les cellules dendritiques immatures ; et/ou
- l'identification de molécule destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire contre un antigène ou haptène qui lui est associé ; et/ou

- l'identification de molécule destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire de type T cytotoxique ; et/ou

- l'identification de molécule destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire contre un agent infectieux ou une cellule tumorale.

5 Un objet de l'invention concerne également de nouvelles molécules susceptibles d'être obtenues par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention, telle que décrite ci-dessus. Ces nouvelles molécules susceptibles d'être obtenues par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention n'englobent pas les ligands connus à ce jour qui seraient susceptibles de se lier aux récepteurs scavenger et signalées via un récepteur Toll tels  
10 que les HSP, les lipoprotéines telles que les OspA, l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et le pEA (*pseudomonas* Exotoxin A).

Ainsi, la méthode selon l'invention pourra notamment être utilisée pour identifier de nouvelles HSP ou de nouvelles Omp.

Ces nouvelles molécules ainsi identifiées pourront être utilisées de la même  
15 façon que les HSP ou les Omp, notamment l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* dénommé P40 dont l'utilisation comme protéine adjuvante et/ou porteuse pour induire ou augmenter la réponse immune de type humoral ou CTL a été décrite en particulier dans de nombreux brevets et ainsi bien connue de l'homme de l'art, et de façon tout à fait particulière lorsque ladite P40 est associée à un antigène tumoral ou issu d'un agent  
20 infectieux.

L'invention a encore pour objet une composition pharmaceutique caractérisée en ce qu'elle comprend dans un milieu pharmaceutiquement acceptable au moins une molécule se liant aux récepteurs scavenger et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement au moins une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la  
25 mise en œuvre de la méthode selon l'invention.

De préférence, ces molécules utilisées dans une composition pharmaceutique sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA, de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

L'invention a également pour objet la composition selon l'invention,  
30 caractérisée en ce que ladite composition pharmaceutique comprend en outre, un antigène, immunogène ou haptène.

Par « immunogène, antigène ou haptène », on entend notamment désigner tout composé exprimé par un agent infectieux, tel un virus, une bactérie, une levure, un champignon ou un parasite, par une cellule tumorale, ou un de leurs analogues structuraux, qui seul ou en association avec un adjuvant ou porteur est capable d'induire  
5 une réponse immunitaire spécifique dudit agent infectieux ou de ladite cellule tumorale.

On entend également désigner par "immunogène, antigène ou haptène" dans la présente description un composé présentant une analogie structurale avec ledit antigène ou haptène capable d'induire une réponse immunologique dirigée contre ledit antigène ou haptène dans un organisme préalablement immunisé avec ledit composé analogue.

10 Ledit antigène ou haptène peut notamment être choisi parmi les protéines, les glycopeptides, les lipopeptides, les polysaccharides, les oligosaccharides, les acides nucléiques et les lipides.

Dans une forme de réalisation de l'invention, ledit antigène, immunogène ou haptène dérive d'un virus, d'une bactérie, d'un parasite ou d'un champignon.

15 Dans un mode de réalisation préféré de l'invention, ledit antigène, immunogène ou haptène comprend au moins un peptide dérivé de micro-organisme responsable de pathologies des voies aériennes choisi parmi le VRS, le para influenza virus (PIV), l'influenza virus, les hantavirus, les streptocoques, les pneumocoques, haemophilus influenza type b, les rhinovirus, les coronavirus et les méningocoques.

20 L'antigène, immunogène ou haptène peut être associé ou spécifique d'une cellule tumorale.

Parmi les cancers dont les tumeurs expriment un antigène tumoral associé pouvant être prévenus ou traités par les utilisations selon la présente invention, on peut citer en particulier, mais sans s'y limiter :

25 \* le cancer du sein, du poumon, du colon, et le carcinome gastrique (Kawashima et al., Cancer Res., 59:431-5, 1999) ;

\* le mésothéliome, l'ostéosarcome, les cancers du cerveau (Xie et al., J. Natl. Cancer. Inst., 91:169-75, 1999) ;

\* le mélanome (Zheuten et al., Bratisl. Lek. Listy, 99:426-34, 1998) ;

30 \* l'adénome cystique du pancréas (Hammel et al., Eur. J. gastroenterol. Hepatol., 10:345-8, 1998) ;

\* le cancer colorectal (Ogura et al., Anticancer Res., 18:3669-75, 1998) ;

\* le carcinome des cellules rénales (Jantzer et al., Cancer Res., 58:3078-86, 1998); et

\* le cancer de l'ovaire et du cervix (Sonoda et al., Cancer., 77:1501-9, 1996).

Les compositions selon l'invention peuvent contenir en outre un adjuvant. Ce dernier peut notamment être choisi parmi le MPL-A, le Quil-A, l'ISCOM, le Diméthyl Diocadécyl Ammonium sous forme de bromure (DDAB) ou de chlorure (DDAC), les CpG, la Leif, la CT (Toxoïde du choléra), la LT (Heat Labil Toxine) et les versions détoxifiées de la CT ou la LT.

Dans un mode de réalisation préféré de l'invention, la composition pharmaceutique selon l'invention ne contient pas d'adjuvant autre que la molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et notamment aucun autre adjuvant permettant d'induire ou d'augmenter l'immunogénicité ou une réponse CTL.

Au sens de la présente invention, le milieu pharmaceutiquement acceptable est le milieu dans lequel les composés de l'invention sont administrés, préférentiellement un milieu injectable chez l'homme. Il peut être constitué d'eau, d'une solution aqueuse saline ou d'une solution aqueuse à base de dextrose et/ou de glycérol.

L'invention comprend également une composition selon l'invention, caractérisée en ce que ladite composition pharmaceutique est véhiculée sous une forme permettant d'améliorer sa stabilité et/ou son immunogénicité ; ainsi, elle peut être véhiculée sous forme de liposomes, virosomes, nanosphères, microsphères ou microcapsules.

L'utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement d'une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention comme porteur et/ou adjuvant dans un vaccin constitue un autre objet de l'invention.

De préférence, ces molécules utilisées comme porteur et/ou adjuvant dans un vaccin sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA, de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

L'invention concerne encore l'utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement d'une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention, pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou

thérapeutique des infections virales, bactériennes, parasitaires ou fongiques ou pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou thérapeutique des cancers.

De préférence, ces molécules utilisées pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou thérapeutique des infections virales, bactériennes, parasitaires ou fongiques ou pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou thérapeutique des cancers sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA, de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

L'invention a encore pour objet l'utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement d'une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention, pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire contre un agent infectieux ou une cellule tumorale.

De préférence, ces molécules utilisées pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire contre un agent infectieux ou une cellule tumorale sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA, de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

La présente invention est aussi relative à l'utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement d'une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention, pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou à accroître une réponse T cytotoxique contre un agent infectieux ou une cellule tumorale. On pourra utiliser de telles compositions en thérapies ex vivo ou in vivo.

De préférence, ces molécules utilisées pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou à accroître une réponse T cytotoxique contre un agent infectieux ou une cellule tumorale sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA, de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

L'invention concerne encore l'utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, et préférentiellement d'une nouvelle molécule susceptible d'être obtenue par la mise en œuvre de la méthode selon l'invention, pour le ciblage spécifique d'une substance biologiquement active qui lui est associée vers les cellules présentatrices d'antigènes.

De préférence, ces molécules utilisées pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou à accroître une réponse T cytotoxique contre un agent infectieux ou une cellule tumorale sont différentes des HSP, des lipoprotéines telles que les OspA (« Outer Surface Protein »), de l'OmpA de *Klebsiella pneumoniae* et du pEA.

Dans l'utilisation selon l'invention, la nouvelle molécule peut se fixer spécifiquement sur les cellules présentatrices d'antigènes et/ou être internalisée dans lesdites cellules.

Par cellules présentatrices d'antigènes ou APC, on entend désigner dans la présente invention, les APC professionnelles formant partie intégrante du système immunitaire telles que les cellules dendritiques, les macrophages, les lymphocytes B ou les monocytes. De préférence, l'invention concerne l'utilisation pour le ciblage vers les cellules dendritiques.

Par substance biologiquement active, on entend désigner tout composé capable d'exercer une activité thérapeutique et dont l'activité peut être modulée par l'intermédiaire des cellules APC. Comme exemple de telles substances biologiquement actives, on peut citer sans s'y limiter les composés immunogènes tels que des antigènes ou haptènes de nature protéique, poly ou oligosaccharidique, glycoprotéique ou lipoprotéique.

Par substance biologiquement active, on entend encore désigner tout composé capable de modifier l'activité fonctionnelle des cellules APC, en particulier leur croissance, leur différenciation ou leur système d'expression. On peut citer comme exemple de tels composés, sans s'y limiter, les facteurs de croissance cellulaire dont les cytokines (IL-4, IL-3, GM-CSF, TNF-alpha).

Ainsi, la substance biologiquement active peut être choisie parmi les protéines ou les peptides, les lipopeptides, les poly- ou oligosaccharides, les acides nucléiques, les lipides et, de manière générale, parmi l'ensemble des substances chimiques.

Enfin, la présente invention a pour objet l'ensemble des utilisations selon la présente invention caractérisées en ce que ladite molécule capable de se lier aux récepteurs scavengers et/ou signalée via un récepteur Toll, et, le cas échéant, capable d'être internalisée après ladite fixation dans une cellule présentatrice d'antigène, est identifiée par un procédé en une ou deux étapes selon la présente invention.



Les légendes des figures et exemples qui suivent sont destinés à illustrer l'invention sans aucunement en limiter la portée.

Légende des figures :

- 5           La figure 1 correspond au profil obtenu par analyse au FACSavantage cytofluoromètre et démontre que des cellules CHO transfectées avec MARCO lient P40 de façon plus importante que des cellules transfectées avec CD83 utilisées comme contrôle négatif ou des cellules CHO non transfectées.

10           La figure 2 correspond à la quantification en IL-8 de cellules 293 et démontre la capacité des cellules 293 lorsqu'elles sont transfectées par Tlr2 ou Tlr4 à répondre aux OmpA.

Exemple 1 : Les Omp se lient à un récepteur scavenger

A. Génération des transfectants MARCO :

- 15           L'ADNc codant pour le récepteur scavenger MARCO (séquence identifiée dans la banque de données GenBank sous le Numéro d'accension A.N. NM006770, SEQ ID No. 1 de la liste des séquences ci-après) a été cloné dans un vecteur d'expression pEBS/PL contenant une séquence codant pour une protéine C accolée à la séquence insérée. Des cellules CHO (ATCC, Manassas, VA) ont été transfectées en utilisant la
- 20           technique Effecten (Qiagen, Courtaboeuf, France) et cultivées dans un milieu DMEM supplémenté avec 10 % de FCS et sélectionnées à l'aide de l'hygromycine (commercialisés par Life Technologies). Après cette étape de clonage, les cellules exprimant MARCO ont été sélectionnées en se basant sur l'expression de la protéine C utilisée comme marqueur, déterminée par Western blotting. Les cellules ont été lysées
- 25           dans 10 mM de tampon phosphate pH 7.4 contenant 0,5 % de Nonidet P40 (Sigma) et des inhibiteurs de protéases (Boehringer Mannheim). Les protéines de  $5 \times 10^6$  cellules ont été séparées par électrophorèse sur un gel à 10 % de polyacrylamide gel dans des conditions non réductrices, puis transférées sur une membrane de nitrocellulose (commercialisée par Biorad, Ivry sur Seine, France). Après saturation, les membranes
- 30           ont été incubées en présence d'anticorps monoclonaux anti-protéine C (Roche Diagnostics, Meylan, France). Après lavage, les membranes ont été incubées avec des anticorps anti-immunoglobuline de souris marqués à la peroxydase (Dako, Glostrup,

Denmark) ; les anticorps fixés ont été détectés en utilisant le système ECL (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Sweden).

#### B. Etude de la fixation de P40 au FACS :

Les macrophages ainsi générés sont incubés dans du tampon FACS (RPMI  
5 contenant 0,1 % de sérum albumine bovine) à  $2 \times 10^5$  cellules par puits de 96 fonds pointus pendant 20 minutes en présence de différentes concentrations de P40 marqué avec de l'Alexa<sup>488</sup> ou avec de la glycophorine A marquée par de l'Alexa<sup>488</sup>. Le marquage à l'Alexa<sup>488</sup> est réalisé comme décrit par le commerçant (Molecular Probes). Les cellules sont alors lavées en tampon FACS et analysées en utilisant un  
10 FACSvantage cytofluoromètre.

#### C. Résultats :

Les résultats décrits dans la figure 1 montrent que des cellules CHO transfectées avec MARCO lient P40 de façon plus importante que des cellules transfectées avec CD83 utilisées comme contrôle négatif ou des cellules CHO non transfectées.

#### 15 Exemple 2 : Les Omp sont internalisés par un récepteur scavenger

L'internalisation de P40 a été étudiée par microscopie confocale. Les macrophages humains sont incubés dans du tampon FACS (RPMI contenant 0,1 % de sérum albumine bovine) à  $2 \times 10^5$  cellules par puits de 96 fonds pointus pendant 20 minutes en présence de 0.5 mM P40 marqué avec de l'Alexa<sup>488</sup>, lavés puis incubés ou  
20 non à 37°C. Les macrophages sont finalement cytopspinés et observés avec un microscope confocal en utilisant un microscope inversé LSM510 commercialisé par Zeiss muni d'un objectif apochromat plan 63 X. Dans certaines expériences, 150 mM de diméthyl amiloride (DMA) ont été ajoutés 10 minutes avant ajout de P40 ainsi que dans le tampon FACS utilisé. La fluorescence de l'alex<sup>488</sup> a été mesurée avec un filtre 530-  
25 30 nm après excitation avec un laser à ion argon à 488 nm.

#### Exemple 3 : Les Omp stimulent les cellules via un récepteur Toll

##### A. Génération des transfectants Tlr

L'ADNc de Tlr 2, Tlr 4 et CD14 (séquences respectivement identifiées dans la banque de données GenBank sous les numéros d'accension A.N. U88878, U88880 et  
30 M86511, et dont leur séquence nucléique est respectivement représentée par les séquences SEQ ID No. 5, No. 7 et No. 9 dans la liste des séquences ci-après) a été cloné

dans le vecteur pCDNA3.1 (Invitrogen, Groningen, Hollande), par la suite utilisé pour transfecter des cellules 293 (ATCC) par lipofection tel que décrit ci-dessus.

#### B. Stimulation of Tlr-transfected cells

48 h après la transfection, les cellules ont été lavées et cultivées dans du milieu sans FCS, RPMI 1640 pendant 12 h. Après remplacement du milieu, les cellules ont été soit non stimulées, soit stimulées pendant 6 h avec 0.5 mM d'OmpA, 0.5 mM de BB ou 100 pg ml<sup>-1</sup> de LPS. L'IL-8 a ensuite été quantifiée par ELISA (R&D Systems) dans le surnageant obtenu après les 6 h.

#### C. Résultats

Comme décrit dans la figure 2, les cellules 293 lorsqu'elles sont transfectées par Tlr 2 acquièrent la capacité de répondre aux OmpA. L'effet des OmpA ne requiert pas la présence de CD14 comme c'est parfois le cas pour des lipoprotéines ou le LPS qui activent également les cellules via Tlr 4.

Exemple 4 : Les HSP se lient à un récepteur scavanger

#### A. Génération des CD

Génération in vitro de cellules dendritiques humaines immatures.

Les cellules dendritiques humaines sont générées à partir de monocytes isolés du sang périphérique. Le sang est prélevé par leucophérèse en présence d'anticoagulant comme par exemple l'héparinate de lithium. Les cellules mononucléées (CMN) sont isolées de sujets sains par centrifugation sur un gradient de Ficoll-Hypaque (densité=1,077) (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Suède). Les cellules du sang sont centrifugées à 1500 rpm pendant 30 minutes à température ambiante. Les CMN, localisées à l'interface Ficoll-plasma, sont récupérées et lavées deux fois en présence de milieu RPMI 1640 (Life technologies, Cergy Pontoise, France). Les monocytes sont purifiés par sélection positive en utilisant un séparateur magnétique de cellules (MACS™ ; Miltenyi Biotex, Bergisch Gladbach, Allemagne) en accord avec les instructions du fabricant. Les CMN sont incubées pendant 20 minutes à 4°C avec des billes magnétiques sur lesquelles sont fixées un anticorps monoclonal anti-CD14 humain. Après lavage, la suspension cellulaire plus billes est déposée sur une colonne et soumise à un champ magnétique. Après trois lavages, la colonne n'est plus soumise au champ magnétique et les monocytes sont collectés par gravitation. La pureté des monocytes est évaluée par cytofluorométrie (cytofluoromètre FACScan ; Becton

Dickinson, Erembodegem, Belgique) sur la base des paramètres taille-granulosité des cellules. La pureté est supérieure à 98 %. Les monocytes sont ensuite mis en culture à la concentration de  $5 \times 10^6$  cellules/ml dans le milieu suivant (dénommé par la suite milieu de culture complet) : milieu RPMI 1640 supplémenté de 10 % de sérum de veau foetal (chauffage à 56°C pendant 30 minutes), 2 mM de L-glutamine, 50 U/ml de pénicilline et 50 ug/ml de streptomycine (Life technologies) dans des plaques de culture 6 puits (Nunc, Roskilde, Danemark) à raison de 5 ml de milieu par puits. Les cellules sont activées avec 20 ng/ml d'IL-4 humaine recombinante et 20 ng/ml de GM-CSF humaine recombinante (R&D Systems, Abingdon, Royaume Uni). Après 6 jours de culture (37°C, 5 % CO<sub>2</sub> en atmosphère humide), le phénotype des cellules est défini par cytofluorométrie.

#### B. Analyse par FACS

Les cellules sont lavées dans du tampon FACS puis réparties dans des puits d'une plaque de culture 96 puits à fond conique à raison de  $2 \times 10^5$  cellules dans un volume de 50 ml de tampon FACS. Puis les cellules sont incubées 10 min dans du tampon FACS en absence ou en présence de 100 mg/ml de sérum albumine bovine (SAB) ou de SAB maleylé. Après 10 min 10 mg/ml de HSP70 marqué à la biotine sont ajoutés. Après 20 min à 4°C, les cellules sont lavées et incubées avec de l'avidine marquée FITC.

#### 20 C. Résultats

La SAB maleylé inhibe la fixation des HSP70 aux DC alors que la SAB non maleylé n'a aucun effet. Cela indique que les HSP se lient à un récepteur scavenger.

#### Exemple 5 : Méthode d'identification de nouvelles molécules en deux étapes

La méthodologie décrite ci-dessous permet l'identification en deux étapes de molécules se liant à un SR et signalant via une molécule Tlr :

- la première étape est une sélection des molécules ciblant un SR,
- la deuxième étape sélectionne parmi ces molécules celles signalant via une molécule Tlr.

Dans l'exemple, nous présenterons une méthode d'identification de molécules d'origine bactérienne à l'aide d'une banque d'expression. Cette méthodologie est applicable à l'identification de molécules exprimées par n'importe quel organisme

multicellulaire en utilisant des banques d'expression procaryotiques ou eucaryotiques et contenant soit des ADNc, soit de l'ADN génomique.

#### Génération de clones stables exprimant des SR.

Les ADNc codant pour les SR identifiés jusqu'à maintenant sont intégrés dans un vecteur d'expression eucaryotique en aval d'une séquence codant pour un peptide signal (permettant de produire des molécules recombinantes solubles). Les cellules CHO sont transfectées par lipofection puis mises en culture avec un agent de sélection, comme par exemple l'hygromycine. La sélection de clones exprimant le transgène pourra se faire de différentes manières en fonction des sondes disponibles :

- utilisation d'un anticorps monoclonal, couplé ou non à une molécule fluorescente,
- utilisation de DiI-Ac-LDL fluorescent [une molécule étant définie comme un SR lorsqu'elle fixe les LDL modifiés comme les LDL oxydés ou les LDL acétylés, respectivement Ox-LDL et Ac-LDL],
- sélection de transfectants exprimant de manière contemporaine le SR et une molécule comme l'EGFP (Enhanced Green Fluorescent Protein). Dans ce cas, l'expression des deux molécules recombinantes (EGFP et SR) est sous le contrôle d'un même promoteur ; les ADNc sont séparés par une séquence IRES qui permet la synthèse de deux protéines à partir d'un seul ARNm. Dans ce cas, toute cellule exprimant la EGFP exprime de manière contemporaine le SR.

Les clones exprimant le plus fortement le SR recombinant seront sélectionnés par cytofluorométrie (utilisation d'un trieur de cellules), par exemple. Les transfectants seront maintenus en culture en présence de l'agent de sélection.

#### Création de la banque d'expression.

- L'ADN génomique bactérien est cassé mécaniquement afin d'obtenir des fragments d'une taille d'environ 1 kb. Les fragments d'ADN sont ensuite intégrés dans un vecteur d'expression présentant un double promoteur procaryote/eucaryote. Ce plasmide présente au moins les caractéristiques suivantes : une séquence codant pour un peptide signal en amont de l'ADN exogène et une séquence codant pour un Tag en aval de l'ADN exogène. Le Tag sera choisi sur la base de l'existence d'anticorps monoclonaux dirigés contre cette séquence Tag.

Après transformation avec les plasmides contenant les fragments d'ADN génomique, les bactéries contenant un ADN plasmidique sont sélectionnées (utilisation d'une résistance à un antibiotique exprimée par le plasmide) puis clonées. Les cellules eucaryotes (comme par exemple les cellules CHO ou HEK-293) seront transfectées par électroporation ou lipofection avec 10 plasmides (n=10). 24 heures après la transfection, le milieu de culture est changé et les cellules sont maintenues en culture dans un milieu sans FCS ni acides gras. Les surnageants sont ensuite collectés après 48 h de culture et concentrés. La production de protéines recombinantes solubles pourra être évaluée aisément par Dot-blotting.

10 Identification des clones produisant une molécule se fixant à un SR.

Les surnageants de culture contenant les molécules recombinantes solubles sont incubés avec les différents clones stables exprimant les SR. Après lavage, les cellules sont incubées avec un anticorps fluorescent dirigé contre la séquence Tag choisie. La fluorescence sera ensuite analysée par cytofluorométrie. Après identification des groupes produisant une molécule soluble dirigée contre un SR, chacun des plasmides contenus dans le groupe de 10 clones sera analysé individuellement afin d'identifier celui produisant la molécule d'intérêt. La spécificité de fixation au SR sera évaluée contre tous les autres SR. La nature de la protéine sera ensuite déterminée par séquençage du fragment d'ADN génomique.

20 Production de la molécule recombinante.

Dans le cas où la séquence présente dans le plasmide code pour la protéine entière, nous analyserons directement quelle molécule Tlr est impliquée dans la signalisation. Si ce n'est pas le cas, le gène sera cloné en entier (détermination du cadre de lecture complet). Ceci pourra se faire de différentes manières :

25 - si la séquence issue de la souche choisie est connue dans la littérature, la séquence complète sera amplifiée par PCR à l'aide de sondes oligonucléotidiques spécifiques,

- si la séquence issue de la souche choisie n'est pas connue mais homologue à un gène déjà identifié dans une autre souche, la séquence complète sera amplifiée par PCR à l'aide de sondes oligonucléotidiques dégénérées,

30 - si la séquence n'est pas connue dans les banques de données publiques, la séquence complète sera identifiée par séquençage de l'ADN génomique.

La séquence complète sera insérée dans un vecteur d'expression procaryotique en aval d'une séquence codant un Tag contre lequel des anticorps monoclonaux sont disponibles. Après sélection d'un clone produisant de manière élevée la protéine, la protéine sera produite selon des techniques connues d'homme de métier et purifiée par immunoprécipitation à l'aide d'un anticorps anti-Tag immobilisé sur une résine. La capacité de la molécule recombinante purifiée à se fixer au SR sera réévaluée par cytofluorométrie comme décrit ci-dessus.

#### Identification de la molécule Tlr associée à la signalisation via le SR.

Les ADNc codant pour les molécules Tlr 1 à Tlr 6 humaines seront clonés par PCR et insérés dans un vecteur d'expression contenant une séquence codant pour une séquence Tag, en l'occurrence la séquence FLAG<sup>TM</sup> (Sigma, St Louis, MO) de telle manière que la séquence FLAG soit exprimée à l'extrémité du domaine extracellulaire. Les transfectants stables exprimant le SR d'intérêt seront transfectés avec chacun des plasmides codant pour les Tlr. L'expression du Tlr sera évaluée par cytofluorométrie en utilisant en anticorps anti-FLAG. Les transfectants seront ensuite mis en culture en présence de la molécule recombinante d'intérêt. L'activation des cellules transfectées sera évaluée par la néosynthèse de médiateurs solubles aisément quantifiables par ELISA, comme par exemple l'interleukine-8 ou le TNFalpha.

#### Exemple 6 : Méthode en une étape

Dans ce cas, la sélection des molécules d'intérêt se fait sur des transfectants exprimant conjointement un SR et une molécule Tlr. Les banques d'ADNc ou d'ADN génomique ainsi que la production des protéines recombinantes solubles ont été décrites ci-dessus.

Deux approches sont possibles pour générer les transfectants exprimant de manière contemporaine un SR et une molécule Tlr :

- les cellules sont transfectées par électroporation ou lipofection avec deux vecteurs, l'un codant pour le SR et l'autre pour la molécule SR ; dans ce cas, on choisira deux plasmides chacun codant pour une protéine de résistance à une drogue différente,
- les cellules sont transfectées par électroporation ou lipofection avec un vecteur contenant les deux séquences d'intérêt séparées par une séquence IRES (voir ci-dessus les propriétés de cette séquence). Dans ce cas, il faut cloner les SR en association avec chacune des séquences Tlr connues.

Dans les deux cas, la molécule Tlr exprime une séquence Tag FLAG à l'extrémité de son domaine extracellulaire. La sélection des clones exprimant conjointement le SR et la molécule Tlr se fera par cytofluorométrie comme décrit ci-dessus en utilisant un anticorps monoclonal anti-FLAG™ (couplé à une molécule  
5 fluorescente) pour l'expression du SR et de la molécule fluorescente DiI-Ac-LDL pour l'expression de la molécule Tlr. Après transfection, les cellules sont cultivées en présence du ou des agents de sélection.

Les clones cellulaires sont ensuite utilisés dans les tests de screening comme décrit précédemment. Dans ce cas, le paramètre unique mesuré sera l'activation des  
10 cellules par les protéines recombinantes solubles (en mesurant par exemple la production d'IL-8 ou de TNFalpha par les transfectants).



## REVENDICATIONS

1. Procédé d'identification de nouvelles molécules d'intérêt thérapeutique, caractérisé en ce qu'on sélectionne les molécules qui se lient aux récepteurs scavengers et qui sont signalées via un récepteur Toll.  
5
2. Procédé d'identification selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il comprend les deux étapes distinctes suivantes :
  - a) la sélection des molécules qui se lient aux récepteurs scavengers ; et
  - b) la sélection, parmi les molécules sélectionnées à l'étape a), des molécules qui  
10 fournissent un signal d'activation via un récepteur Toll.
3. Procédé d'identification selon la revendication 2, caractérisé en ce que l'étape a) comprend les étapes suivantes :
  - 1) la mise en contact d'une molécule, ou d'un mélange de molécules, connue ou inconnue à tester avec un récepteur scavenger, dans un milieu permettant la fixation  
15 éventuelle d'une molécule testée avec ledit récepteur scavenger ;
  - 2) la mise en évidence de la fixation ou non de ladite molécule testée avec ledit récepteur scavenger ; et
  - 3) la sélection de cette molécule si sa fixation avec ledit récepteur scavenger a été mise en évidence à l'étape 2).
- 20 4. Procédé selon l'une des revendications 2 et 3, caractérisé en ce que la sélection des molécules capables de se lier au récepteur scavenger est réalisée par une méthode choisie parmi les méthodes suivantes :
  - une chromatographie d'affinité ;
  - une identification par FACS des molécules se liant à des cellules transfectées  
25 par un récepteur scavenger ;
  - une technique de type BIACORE ; ou
  - un clonage par expression à partir d'une sonde portant un récepteur scavenger.
5. Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisé en ce que ledit récepteur scavenger est choisi parmi les SR-A1, SR-B1, SR-C1, Marco, LOX, notamment LOX-1, CD36, de préférence d'origine humaine.  
30
6. Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, caractérisé en ce que ledit récepteur scavenger est choisi parmi :

- les récepteurs scavengers Marco ;
- le récepteur Marco dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est la séquence SEQ ID No. 1 ;

- leur fragment comprenant le site de fixation de ces récepteurs ; ou
- 5       - les récepteurs dont la séquence peptidique ou nucléique présente au moins un pourcentage d'identité d'au moins 80 % avec ces récepteurs Marco ou leurs séquences d'ADNc.

7.       Procédé selon l'une quelconque des revendications 2 à 6, caractérisé en ce que la deuxième étape b) du procédé d'identification selon l'invention comprend une  
10       étape d'identification du récepteur Toll -associé à la signalisation cellulaire consécutivement à l'étape a).

8.       Procédé selon l'une quelconque des revendications 2 à 6, caractérisé en ce que la deuxième étape b) du procédé d'identification comprend les étapes suivantes :

A) la mise en contact de ladite molécule sélectionnée à ladite première étape a)  
15       avec une cellule exprimant ledit récepteur Toll ;

B) la mesure d'un marqueur significatif d'une activation cellulaire, de préférence médiée par ledit récepteur Toll ;

C) la sélection de ladite molécule, si ladite mesure à l'étape B) met en évidence la génération ou l'augmentation de ladite activité cellulaire mesurée, de préférence par  
20       rapport à un contrôle témoin.

9.       Procédé selon l'une quelconque des revendications 2 à 8, caractérisé en ce que ladite cellule exprimant ledit récepteur Toll à l'étape A) est une cellule hôte transfectée avec un acide nucléique codant pour ledit récepteur Toll.

10.       Procédé selon la revendication 9, caractérisé en ce que ladite cellule  
25       exprimant ledit récepteur Toll à l'étape A) est une cellule hôte transfectée en outre avec un acide nucléique codant pour un récepteur scavenger, de préférence ledit récepteur scavenger utilisé à l'étape a).

11.       Procédé selon l'une des revendications 8 à 10, caractérisé en ce que ledit marqueur utilisé à l'étape B) est choisi parmi :

- 30       - la mesure de la production d'une ou de plusieurs cytokines par ladite cellule utilisée à l'étape A) ;

- la mesure de la modulation de l'expression de molécules de surface par ladite cellule utilisée à l'étape A) ;

- la mesure de l'activation du facteur de transcription NF-kB par ladite cellule utilisée à l'étape A) ;

5       - la mesure du flux calcique, de préférence par une technique fluorométrique.

12.     Procédé selon l'une des revendications 8 à 11, caractérisé en ce que ledit marqueur utilisé à l'étape B) est la mesure de la production d'une ou plusieurs cytokines par ladite cellule utilisée à l'étape A).

10       13.     Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 12, caractérisé en ce que ledit récepteur Toll est choisi parmi les récepteurs Toll Tlr 1, 2, 3, 4, 5 et 6, de préférence d'origine humaine.

14.     Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 13, caractérisé en ce que ledit récepteur Toll est choisi parmi :

- les récepteurs Toll Tlr 1 et Tlr 4 ;

15       - le récepteur Toll Tlr 1 dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est la séquence SEQ ID No. 5 ;

- le récepteur Toll Tlr 4 dont la séquence de l'ADNc codant pour ce récepteur est la séquence SEQ ID No. 7 ;

20       - leurs fragments comprenant le domaine responsable de la médiation du signal d'activation des cellules ; ou

- les récepteurs dont la séquence peptidique ou nucléique présente au moins un pourcentage d'identité d'au moins 80 % avec ces récepteurs Toll Tlr 1 et Tlr 4 ou leurs séquences d'ADNc.

25       15.     Procédé d'identification selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il est mis en oeuvre en une étape  $\alpha$ ).

16.     Procédé d'identification selon la revendication 15, caractérisé en ce que l'unique étape  $\alpha$ ) met en oeuvre une cellule cotransfectée par un récepteur scavenger et un récepteur Toll.

30       17.     Procédé d'identification selon la revendication 16, caractérisé en ce que l'étape  $\alpha$ ) comprend les étapes suivantes :

X) la mise en contact d'une molécule, ou d'un mélange de molécules, connue ou inconnue, à tester avec une cellule hôte cotransfectée avec un acide nucléique codant

pour un récepteur scavenger et un acide nucléique codant pour un récepteur Toll, dans un milieu permettant la fixation éventuelle de la ou desdites molécules testées avec ledit récepteur scavenger et/ou l'activation cellulaire éventuelle de ladite cellule médiée par ledit récepteur Toll ;

- 5           Y) la mise en évidence de l'activation cellulaire de ladite cellule médiée par ledit récepteur Toll par la mesure d'au moins un marqueur significatif d'une activation cellulaire, de préférence médiée par ledit récepteur Toll ; et

- Z) la sélection de cette molécule si ladite mesure à l'étape Y) met en évidence la génération ou l'augmentation de ladite activité cellulaire mesurée, de préférence par rapport à un contrôle témoin.
- 10

18. Procédé d'identification selon l'une des revendications 16 et 17, caractérisé en ce que lesdits récepteurs Toll et scavengers, lesdits marqueurs de mesure d'activité cellulaire utilisés sont de préférence ceux indiqués pour le procédé en deux étapes selon l'une des revendications 2 à 14.

- 15           19. Procédé d'identification selon l'une des revendications 1 à 18, caractérisé en ce qu'il comprend en outre une étape d'identification de la structure de la molécule sélectionnée si celle-ci n'est pas connue.

20. Procédé d'identification selon l'une quelconque des revendications 1 à 19, utilisé pour identifier de nouvelles HSP, de nouvelles Omp ou leurs analogues.

- 20           21. Composition pharmaceutique caractérisée en ce qu'elle comprend dans un milieu pharmaceutiquement acceptable au moins une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20.

22. Composition selon la revendication 21, caractérisée en ce qu'elle contient en outre un antigène, immunogène ou haptène.
- 25

23. Composition selon la revendication 22, caractérisée en ce que ledit antigène, immunogène ou haptène est choisi parmi les protéines, les peptides, les glycopeptides, les lipopeptides, les polysaccharides, les oligosaccharides, les acides nucléiques et les lipides.

- 30           24. Composition selon la revendication 22 ou 23, caractérisée en ce que ledit antigène, immunogène ou haptène dérive d'un virus, d'une bactérie, d'une levure, d'un parasite ou d'un champignon.

25. Composition selon la revendication 24, caractérisée en ce que ledit antigène, immunogène ou haptène comprend au moins un peptide dérivé de micro-organisme responsable de pathologies des voies aériennes choisi parmi le VRS, le para influenza virus (PIV), l'influenza virus, les hantavirus, les streptocoques, les pneumocoques, haemophilus influenza type b, les rhinovirus, les coronavirus et les méningocoques.

26. Composition selon la revendication 22, caractérisée en ce que l'antigène, immunogène ou haptène est associé ou spécifique d'une cellule tumorale.

27. Composition selon l'une des revendications 21 à 26, caractérisée en ce que ladite composition pharmaceutique ne contient pas d'adjuvant autre que la molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll.

28. Composition selon l'une des revendications 21 à 27, caractérisée en ce que ladite composition pharmaceutique est véhiculée sous une forme permettant d'améliorer sa stabilité et/ou son immunogénicité.

29. Utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20 comme porteur et/ou adjuvant dans un vaccin.

30. Utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou thérapeutique des infections virales, bactériennes, parasitaires ou fongiques ou pour la préparation d'un vaccin destiné au traitement prophylactique ou thérapeutique des cancers, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20.

31. Utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou accroître une réponse immunitaire contre un agent infectieux ou une cellule tumorale, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20.

32. Utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée à générer ou accroître une réponse T cytotoxique contre un agent infectieux ou une cellule

tumorale, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20.

33. Utilisation d'une molécule se liant aux récepteurs scavengers et signalée via un récepteur Toll pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au ciblage spécifique d'une substance biologiquement active qui lui est associée vers les cellules présentatrices d'antigènes, ladite molécule étant identifiée par un procédé selon l'une des revendications 1 à 20.

34. Utilisation selon la revendication 33, caractérisée en ce que lesdites cellules présentatrices d'antigènes sont choisies parmi les cellules dendritiques, les macrophages, les lymphocytes B ou les monocytes et préférentiellement parmi les cellules dendritiques.

35. Utilisation selon la revendication 33 ou 34, caractérisée en ce que ladite substance biologiquement active est un antigène ou haptène ou un facteur de croissance.

36. Utilisation selon l'une des revendications 33 à 35, caractérisée en ce que ladite substance biologiquement active est choisie parmi les protéines ou les peptides, les lipopeptides, les poly- ou oligosaccharides, les acides nucléiques, les lipides et les substances chimiques.

37. Utilisation selon l'une des revendications 33 à 36, caractérisée en ce que ladite molécule est capable d'être internalisée après sa fixation dans une cellule présentatrice d'antigène.

1/1

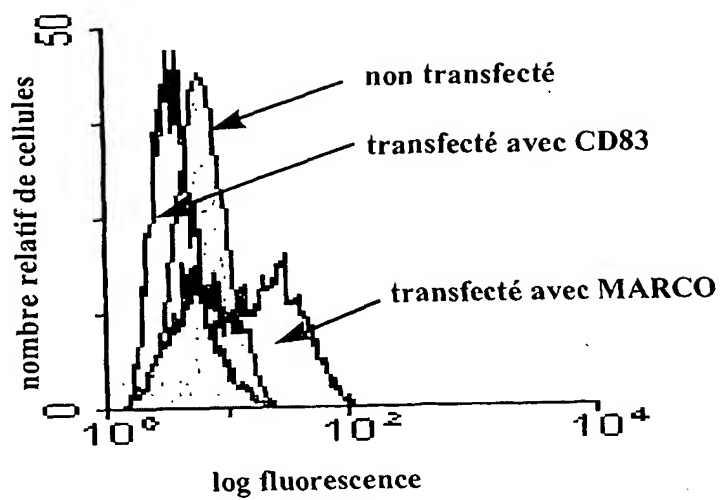


FIGURE 1

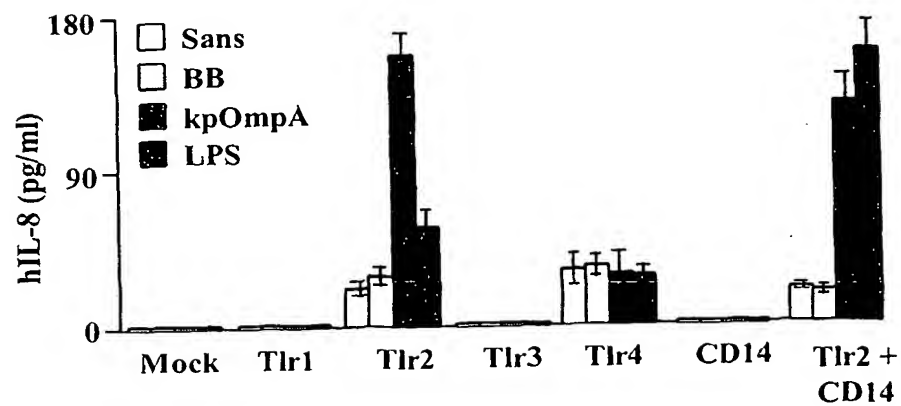


FIGURE 2

BEST AVAILABLE COPY

## LISTE DE SEQUENCES

<110> Pierre Fabre Médicament

<120> Procédé d'identification de nouvelles molécules se  
liant aux récepteurs scavengers et signalées via un  
récepteur Toll

<130> D19109

<140>

<141>

<150> FR 00 13883

<151> 2000-10-27

<160> 10

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1712

<212> ADNc

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1563)

<223> Récepteur Marco d'origine humaine.

<400> 1

atg aga aat aag aaa att ctc aag gag gac gag ctc ttg agt gag acc	48
Met Arg Asn Lys Lys Ile Leu Lys Glu Asp Glu Leu Leu Ser Glu Thr	
1 5 10 15	
caa caa gct gct ttt cac caa att gca atg gag cct ttc gaa atc aat	96
Gln Gln Ala Ala Phe His Gln Ile Ala Met Glu Pro Phe Glu Ile Asn	
20 25 30	
gtt cca aag ccc aag agg aga aat ggg gtg aac ttc tcc cta gct gtg	144
Val Pro Lys Pro Lys Arg Arg Asn Gly Val Asn Phe Ser Leu Ala Val	
35 40 45	
gtg gtc atc tac ctg atc ctg ctc acc gct ggc gct ggg ctg ctg gtg	192
Val Val Ile Tyr Leu Ile Leu Leu Thr Ala Gly Ala Gly Leu Leu Val	
50 55 60	
gtc caa gtt ctg aat ctg cag gcg cgg ctc cgg gtc ctg gag atg tat	240
Val Gln Val Leu Asn Leu Gln Ala Arg Leu Arg Val Leu Glu Met Tyr	
65 70 75 80	
ttc ctc aat gac act ctg gcg gct gag gac agc ccg tcc ttc tcc ttg	288
Phe Leu Asn Asp Thr Leu Ala Ala Glu Asp Ser Pro Ser Phe Ser Leu	
85 90 95	
ctg cag tca gca cac cct gga gaa cac ctg gct cag ggt gca tcg agg	336
Leu Gln Ser Ala His Pro Gly Glu His Leu Ala Gln Gly Ala Ser Arg	
100 105 110	
ctg caa gtc ctg cag gcc caa ctc acc tgg gtc cgc gtc agc cat gag	384
Leu Gln Val Leu Gln Ala Gln Leu Thr Trp Val Arg Val Ser His Glu	
115 120 125	



cac	ttg	ctg	cag	cgg	gta	gac	aac	ttc	act	cag	aac	cca	ggg	atg	ttc	432
His	Leu	Leu	Gln	Arg	Val	Asp	Asn	Phe	Thr	Gln	Asn	Pro	Gly	Met	Phe	
130						135					140					
aga	atc	aaa	ggg	gaa	caa	ggc	gcc	cca	ggg	ctt	caa	ggg	cac	aag	ggg	480
Arg	Ile	Lys	Gly	Glu	Gln	Gly	Ala	Pro	Gly	Leu	Gln	Gly	His	Lys	Gly	
145					150					155					160	
gcc	atg	ggc	atg	cct	ggg	gcc	cct	ggc	ccg	ccg	gga	cca	cct	gct	gag	528
Ala	Met	Gly	Met	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Ala	Glu	
				165					170					175		
aag	gga	gcc	aag	ggg	gct	atg	gga	cga	gat	gga	gca	aca	ggc	ccc	tcg	576
Lys	Gly	Ala	Lys	Gly	Ala	Met	Gly	Arg	Asp	Gly	Ala	Thr	Gly	Pro	Ser	
			180					185					190			
gga	ccc	caa	ggc	cca	ccg	gga	gtc	aag	gga	gag	gcg	ggc	ctc	caa	gga	624
Gly	Pro	Gln	Gly	Pro	Pro	Gly	Val	Lys	Gly	Glu	Ala	Gly	Leu	Gln	Gly	
		195					200					205				
ccc	cag	ggg	gct	cca	ggg	aag	caa	gga	gcc	act	ggc	acc	cca	gga	ccc	672
Pro	Gln	Gly	Ala	Pro	Gly	Lys	Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	Gly	Pro	
	210					215					220					
caa	gga	gag	aag	ggc	agc	aaa	ggc	gat	ggg	ggg	ctc	att	ggc	cca	aaa	720
Gln	Gly	Glu	Lys	Gly	Ser	Lys	Gly	Asp	Gly	Gly	Leu	Ile	Gly	Pro	Lys	
225					230				235						240	
ggg	gaa	act	gga	act	aag	gga	gag	aaa	gga	gac	ctg	ggg	ctc	cca	gga	768
Gly	Glu	Thr	Gly	Thr	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	
				245					250					255		
agc	aaa	ggg	gac	agg	ggc	atg	aaa	gga	gat	gca	ggg	gtc	atg	ggg	cct	816
Ser	Lys	Gly	Asp	Arg	Gly	Met	Lys	Gly	Asp	Ala	Gly	Val	Met	Gly	Pro	
			260					265					270			
cct	gga	ggc	cag	ggg	agt	aaa	ggg	gac	ttc	ggg	agg	cca	ggc	cca	cca	864
Pro	Gly	Ala	Gln	Gly	Ser	Lys	Gly	Asp	Phe	Gly	Arg	Pro	Gly	Pro	Pro	
		275					280					285				
ggg	ttg	gct	ggg	ttt	cct	gga	gct	aaa	gga	gat	caa	gga	caa	cct	gga	912
Gly	Leu	Ala	Gly	Phe	Pro	Gly	Ala	Lys	Gly	Asp	Gln	Gly	Gln	Pro	Gly	
	290					295					300					
ctg	cag	ggg	gtt	ccg	ggc	cct	cct	ggg	gca	gtg	gga	cac	cca	ggg	ggc	960
Leu	Gln	Gly	Val	Pro	Gly	Pro	Pro	Gly	Ala	Val	Gly	His	Pro	Gly	Ala	
305					310					315					320	
aag	ggg	gag	cct	ggc	agt	gct	ggc	tcc	cct	ggg	cga	gca	gga	ctt	cca	1008
Lys	Gly	Glu	Pro	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Pro	Gly	Arg	Ala	Gly	Leu	Pro	
				325					330					335		
ggg	agc	ccc	ggg	agt	cca	gga	ggc	aca	ggc	ctg	aaa	gga	agc	aaa	ggg	1056
Gly	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Thr	Gly	Leu	Lys	Gly	Ser	Lys	Gly	
			340					345					350			
gac	aca	gga	ctt	caa	gga	cag	caa	gga	aga	aaa	gga	gaa	tca	gga	gtt	1104
Asp	Thr	Gly	Leu	Gln	Gly	Gln	Gln	Gly	Arg	Lys	Gly	Glu	Ser	Gly	Val	
		355					360					365				

```

cca ggc cct gca ggt gtg aag gga gaa cag ggg agc cca ggg ctg gca 1152
Pro Gly Pro Ala Gly Val Lys Gly Glu Gln Gly Ser Pro Gly Leu Ala
370 375 380

ggt ccc aag gga gcc cct gga caa gct ggc cag aag gga gac cag gga 1200
Gly Pro Lys Gly Ala Pro Gly Gln Ala Gly Gln Lys Gly Asp Gln Gly
385 390 395 400

gtg aaa gga tct tct ggg gag caa gga gta aag gga gaa aaa ggt gaa 1248
Val Lys Gly Ser Ser Gly Glu Gln Gly Val Lys Gly Glu Lys Gly Glu
405 410 415

aga ggt gaa aac tca gtg tcc gtc agg att gtc ggc agt agt aac cga 1296
Arg Gly Glu Asn Ser Val Ser Val Arg Ile Val Gly Ser Ser Asn Arg
420 425 430

ggc cgg gct gaa gtt tac tac agt ggt acc tgg ggg aca att tgc gat 1344
Gly Arg Ala Glu Val Tyr Tyr Ser Gly Thr Trp Gly Thr Ile Cys Asp
435 440 445

gac gag tgg caa aat tct gat gcc att gtc ttc tgc cgc atg ctg ggt 1392
Asp Glu Trp Gln Asn Ser Asp Ala Ile Val Phe Cys Arg Met Leu Gly
450 455 460

tac tcc aaa gga agg gcc ctg tac aaa gtg gga gct ggc act ggg cag 1440
Tyr Ser Lys Gly Arg Ala Leu Tyr Lys Val Gly Ala Gly Thr Gly Gln
465 470 475 480

atc tgg ctg gat aat gtt cag tgt cgg ggc acg gag agt acc ctg tgg 1488
Ile Trp Leu Asp Asn Val Gln Cys Arg Gly Thr Glu Ser Thr Leu Trp
485 490 495

agc tgc acc aag aat agc tgg ggc cat cat gac tgc agc cac gag gag 1536
Ser Cys Thr Lys Asn Ser Trp Gly His His Asp Cys Ser His Glu Glu
500 505 510

gac gca ggc gtg gag tgc agc gtc tga cccggaaacc ctttcacttc 1583
Asp Ala Gly Val Glu Cys Ser Val
515 520

tctgctcccg aggtgtcctc gggctcatat gtgggaaggc agaggatctc tgaggagttc 1643

cctggggaca actgagcagc ctctggagag gggccattaa taaagctcaa catcaaaaaa 1703

accggaatt 1712

```

```

<210> 2
<211> 520
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 2
Met Arg Asn Lys Lys Ile Leu Lys Glu Asp Glu Leu Leu Ser Glu Thr
1 5 10 15

Gln Gln Ala Ala Phe His Gln Ile Ala Met Glu Pro Phe Glu Ile Asn
20 25 30

Val Pro Lys Pro Lys Arg Arg Asn Gly Val Asn Phe Ser Leu Ala Val
35 40 45

```

Val Val Ile Tyr Leu Ile Leu Leu Thr Ala Gly Ala Gly Leu Leu Val  
 50 55 60  
 Val Gln Val Leu Asn Leu Gln Ala Arg Leu Arg Val Leu Glu Met Tyr  
 65 70 75 80  
 Phe Leu Asn Asp Thr Leu Ala Ala Glu Asp Ser Pro Ser Phe Ser Leu  
 85 90 95  
 Leu Gln Ser Ala His Pro Gly Glu His Leu Ala Gln Gly Ala Ser Arg  
 100 105 110  
 Leu Gln Val Leu Gln Ala Gln Leu Thr Trp Val Arg Val Ser His Glu  
 115 120 125  
 His Leu Leu Gln Arg Val Asp Asn Phe Thr Gln Asn Pro Gly Met Phe  
 130 135 140  
 Arg Ile Lys Gly Glu Gln Gly Ala Pro Gly Leu Gln Gly His Lys Gly  
 145 150 155 160  
 Ala Met Gly Met Pro Gly Ala Pro Gly Pro Pro Gly Pro Pro Ala Glu  
 165 170 175  
 Lys Gly Ala Lys Gly Ala Met Gly Arg Asp Gly Ala Thr Gly Pro Ser  
 180 185 190  
 Gly Pro Gln Gly Pro Pro Gly Val Lys Gly Glu Ala Gly Leu Gln Gly  
 195 200 205  
 Pro Gln Gly Ala Pro Gly Lys Gln Gly Ala Thr Gly Thr Pro Gly Pro  
 210 215 220  
 Gln Gly Glu Lys Gly Ser Lys Gly Asp Gly Gly Leu Ile Gly Pro Lys  
 225 230 235 240  
 Gly Glu Thr Gly Thr Lys Gly Glu Lys Gly Asp Leu Gly Leu Pro Gly  
 245 250 255  
 Ser Lys Gly Asp Arg Gly Met Lys Gly Asp Ala Gly Val Met Gly Pro  
 260 265 270  
 Pro Gly Ala Gln Gly Ser Lys Gly Asp Phe Gly Arg Pro Gly Pro Pro  
 275 280 285  
 Gly Leu Ala Gly Phe Pro Gly Ala Lys Gly Asp Gln Gly Gln Pro Gly  
 290 295 300  
 Leu Gln Gly Val Pro Gly Pro Pro Gly Ala Val Gly His Pro Gly Ala  
 305 310 315 320  
 Lys Gly Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Pro Gly Arg Ala Gly Leu Pro  
 325 330 335  
 Gly Ser Pro Gly Ser Pro Gly Ala Thr Gly Leu Lys Gly Ser Lys Gly  
 340 345 350  
 Asp Thr Gly Leu Gln Gly Gln Gln Gly Arg Lys Gly Glu Ser Gly Val  
 355 360 365  
 Pro Gly Pro Ala Gly Val Lys Gly Glu Gln Gly Ser Pro Gly Leu Ala

370 375 380

Gly Pro Lys Gly Ala Pro Gly Gln Ala Gly Gln Lys Gly Asp Gln Gly  
 385 390 395 400

Val Lys Gly Ser Ser Gly Glu Gln Gly Val Lys Gly Glu Lys Gly Glu  
 405 410 415

Arg Gly Glu Asn Ser Val Ser Val Arg Ile Val Gly Ser Ser Asn Arg  
 420 425 430

Gly Arg Ala Glu Val Tyr Tyr Ser Gly Thr Trp Gly Thr Ile Cys Asp  
 435 440 445

Asp Glu Trp Gln Asn Ser Asp Ala Ile Val Phe Cys Arg Met Leu Gly  
 450 455 460

Tyr Ser Lys Gly Arg Ala Leu Tyr Lys Val Gly Ala Gly Thr Gly Gln  
 465 470 475 480

Ile Trp Leu Asp Asn Val Gln Cys Arg Gly Thr Glu Ser Thr Leu Trp  
 485 490 495

Ser Cys Thr Lys Asn Ser Trp Gly His His Asp Cys Ser His Glu Glu  
 500 505 510

Asp Ala Gly Val Glu Cys Ser Val  
 515 520

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 2463

&lt;212&gt; ADNc

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (62)..(883)

&lt;223&gt; Récepteur LOX-1 d'origine humaine.

&lt;400&gt; 3

atttttagtt tggtgaagtt cgtgactgct tcactctctc attccttagct tgaatttgga 60

a atg act ttt gat gac cta aag atc cag act gtg aag gac cag cct gat 109

Met Thr Phe Asp Asp Leu Lys Ile Gln Thr Val Lys Asp Gln Pro Asp  
 1 5 10 15

gag aag tca aat gga aaa aaa gct aaa ggt ctt cag ttt ctt tac tct 157

Glu Lys Ser Asn Gly Lys Lys Ala Lys Gly Leu Gln Phe Leu Tyr Ser  
 20 25 30

cca tgg tgg tgc ctg gct gct gcg act cta ggg gtc ctt tgc ctg gga 205

Pro Trp Trp Cys Leu Ala Ala Ala Thr Leu Gly Val Leu Cys Leu Gly  
 35 40 45

tta gta gtg acc att atg gtg ctg ggc atg caa tta tcc cag gtg tct 253

Leu Val Val Thr Ile Met Val Leu Gly Met Gln Leu Ser Gln Val Ser  
 50 55 60

gac ctc cta aca caa gag caa gca aac cta act cac cag aaa aag aaa 301

Asp Leu Leu Thr Gln Glu Gln Ala Asn Leu Thr His Gln Lys Lys Lys

65	70	75	80	
ctg gag gga cag atc tca gcc cgg caa caa gca gaa gaa gct tca cag				349
Leu Glu Gly Gln Ile Ser Ala Arg Gln Gln Ala Glu Glu Ala Ser Gln				
	85	90	95	
gag tca gaa aac gaa ctc aag gaa atg ata gaa acc ctt gct cgg aag				397
Glu Ser Glu Asn Glu Leu Lys Glu Met Ile Glu Thr Leu Ala Arg Lys				
	100	105	110	
ctg aat gag aaa tcc aaa gag caa atg gaa ctt cac cac cag aat ctg				445
Leu Asn Glu Lys Ser Lys Glu Gln Met Glu Leu His His Gln Asn Leu				
	115	120	125	
aat ctc caa gaa aca ctg aag aga gta gca aat tgt tca gct cct tgt				493
Asn Leu Gln Glu Thr Leu Lys Arg Val Ala Asn Cys Ser Ala Pro Cys				
	130	135	140	
ccg caa gac tgg atc tgg cat gga gaa aac tgt tac cta ttt tcc tcg				541
Pro Gln Asp Trp Ile Trp His Gly Glu Asn Cys Tyr Leu Phe Ser Ser				
	145	150	155	160
ggc tca ttt aac tgg gaa aag agc caa gag aag tgc ttg tct ttg gat				589
Gly Ser Phe Asn Trp Glu Lys Ser Gln Glu Lys Cys Leu Ser Leu Asp				
	165	170	175	
gcc aag ttg ctg aaa att aat agc aca gct gat ctg gac ttc atc cag				637
Ala Lys Leu Leu Lys Ile Asn Ser Thr Ala Asp Leu Asp Phe Ile Gln				
	180	185	190	
caa gca att tcc tat tcc agt ttt cca ttc tgg atg ggg ctg tct cgg				685
Gln Ala Ile Ser Tyr Ser Ser Phe Pro Phe Trp Met Gly Leu Ser Arg				
	195	200	205	
agg aac ccc agc tac cca tgg ctc tgg gag gac ggt tct cct ttg atg				733
Arg Asn Pro Ser Tyr Pro Trp Leu Trp Glu Asp Gly Ser Pro Leu Met				
	210	215	220	
ccc cac tta ttt aga gtc cga ggc gct gtc tcc cag aca tac cct tca				781
Pro His Leu Phe Arg Val Arg Gly Ala Val Ser Gln Thr Tyr Pro Ser				
	225	230	235	240
ggt acc tgt gca tat ata caa cga gga gct gtt tat gcg gaa aac tgc				829
Gly Thr Cys Ala Tyr Ile Gln Arg Gly Ala Val Tyr Ala Glu Asn Cys				
	245	250	255	
att tta gct gcc ttc agt ata tgt cag aag aag gca aac cta aga gca				877
Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Cys Gln Lys Lys Ala Asn Leu Arg Ala				
	260	265	270	
cag tga atttgaaggc tctggaagaa aagaaaaaag tctttgagtt ttattctgga				933
Gln				
atttaagcta ttctttgtca cttgggtgcc aaacatgaga gcccagaaaa ctgtcattta				993
gctggctgca gaactccttt gcagaaactg ggggtccagg tgccctggcac ctttatgtca				1053
acatttttga ttctagctat ctgtattatt tcacctagct tgtcccaagc ttccctgcca				1113
gcctgaagtc cattttcccc tttttatttt aaaatttgac tcttcttcaa gcttgaaaac				1173
cctctgaact cagtcttctt tacctcatta tcacctccc ctacactcc taaaattgca				1233

tgaaagacag aacatggaga acttgctcaa gtgcaggcag agagcaaaaa ggggaaatat 1293  
 gtctgggaaa aagtgcacgt gaagaaacaa agaaggacag aggccattcc gaaatcaaga 1353  
 aactcatggt cttaacttta aaaaagggtat caatccttgg tttttaaact gtggtccatc 1413  
 tccagactct accacttacg gacagacaga cagacagaca cacacacaca cacacacaca 1473  
 cacatfttgg gacaagtggg gagcccaaga aagtaattag taagtgagt gtcttttctg 1533  
 taagctaate cacaacctgt taccacttcc tgaatcagtt attatttctt cttttttttt 1593  
 tctaccagag gacagattaa tagatttaac ccttcacaac agttcttgtt agaatcatgg 1653  
 gatgtgtggc ccagaggtaa gaatagaatt tctttcccta aagaacatac cttttgtaga 1713  
 tgaactcttc tcaactctgt ttgtctatgc tataattccg aaacatacaa gacaaaaaaaa 1773  
 atgaagacac tcaatctaga aaaaactaag ccagggtatgc aaatatcgct gaatagaaac 1833  
 agatggaatt agaaatataf cttctatftt taggcttcta tttcctttcc accactctt 1893  
 cacaggctat tctactctaa aggaagcctt tttattttgc tgcacacaat ctagcaggaa 1953  
 tctttttttt ttttttaaga gctgtgtcat ccttatgtag gcaagagatg ttgtcttttg 2013  
 ttaaaagctt tattgagata taattaacat aaaataaact gaacatattt aaagtgtact 2073  
 atttgataag ttttcacacc ttgtggagaa catgcatact acaattaaga gagtgaacat 2133  
 atccatcatc cctcaaagtg tcacaatgct cctcctgatg actcctcccc agaaaaccac 2193  
 caatcggtt tcatfttgca ttttgtagtt ttatgtgaat ggaatcatat agtatgtctt 2253  
 ttttttttgt ctggcttctt tcactttgca taattatttt gagattcata tgtctccatc 2313  
 ttgatgctcg tatgaattca ttcttttaaa tgttgaatat tcccttgat ggatatacca 2373  
 caattcattt acccatftac ttgttgatga catttgggtt gttttagttt tgggatatta 2433  
 caaataaagc tgctgtgaac atttgtgtac 2463

<210> 4

<211> 273

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met	Thr	Phe	Asp	Asp	Leu	Lys	Ile	Gln	Thr	Val	Lys	Asp	Gln	Pro	Asp
1				5					10					15	
Glu	Lys	Ser	Asn	Gly	Lys	Lys	Ala	Lys	Gly	Leu	Gln	Phe	Leu	Tyr	Ser
			20					25					30		
Pro	Trp	Trp	Cys	Leu	Ala	Ala	Ala	Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Cys	Leu	Gly
		35					40					45			
Leu	Val	Val	Thr	Ile	Met	Val	Leu	Gly	Met	Gln	Leu	Ser	Gln	Val	Ser
50						55					60				

```

Asp Leu Leu Thr Gln Glu Gln Ala Asn Leu Thr His Gln Lys Lys Lys
 65                      70                      75                      80
Leu Glu Gly Gln Ile Ser Ala Arg Gln Gln Ala Glu Glu Ala Ser Gln
                      85                      90                      95
Glu Ser Glu Asn Glu Leu Lys Glu Met Ile Glu Thr Leu Ala Arg Lys
          100                      105                      110
Leu Asn Glu Lys Ser Lys Glu Gln Met Glu Leu His His Gln Asn Leu
      115                      120                      125
Asn Leu Gln Glu Thr Leu Lys Arg Val Ala Asn Cys Ser Ala Pro Cys
      130                      135                      140
Pro Gln Asp Trp Ile Trp His Gly Glu Asn Cys Tyr Leu Phe Ser Ser
145                      150                      155                      160
Gly Ser Phe Asn Trp Glu Lys Ser Gln Glu Lys Cys Leu Ser Leu Asp
          165                      170                      175
Ala Lys Leu Leu Lys Ile Asn Ser Thr Ala Asp Leu Asp Phe Ile Gln
          180                      185                      190
Gln Ala Ile Ser Tyr Ser Ser Phe Pro Phe Trp Met Gly Leu Ser Arg
      195                      200                      205
Arg Asn Pro Ser Tyr Pro Trp Leu Trp Glu Asp Gly Ser Pro Leu Met
      210                      215                      220
Pro His Leu Phe Arg Val Arg Gly Ala Val Ser Gln Thr Tyr Pro Ser
225                      230                      235                      240
Gly Thr Cys Ala Tyr Ile Gln Arg Gly Ala Val Tyr Ala Glu Asn Cys
          245                      250                      255
Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Cys Gln Lys Lys Ala Asn Leu Arg Ala
          260                      265                      270

```

Gln

&lt;210&gt; 5

&lt;211&gt; 2600

&lt;212&gt; ADNc

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (130)..(2484)

&lt;223&gt; Récepteur Tlr2 d'origine humaine.

&lt;400&gt; 5

ggatccaaag gagacctata gtgactccca ggagctctta gtgaccaagt gaagggtacct 60

gtgggggtca ttgtgcccac tgctctttca ctgctttcaa ctggtagttg tggggtgaag 120

cactggaca atg cca cat act ttg tgg atg gtg tgg gtc ttg ggg gtc atc 171

Met Pro His Thr Leu Trp Met Val Trp Val Leu Gly Val Ile

1

5

10

atc agc ctc tcc aag gaa gaa tcc tcc aat cag gct tct ctg tct tgt	219
Ile Ser Leu Ser Lys Glu Glu Ser Ser Asn Gln Ala Ser Leu Ser Cys	
15 20 25 30	
gac cgc aat ggt atc tgc aag ggc agc tca gga tct tta aac tcc att	267
Asp Arg Asn Gly Ile Cys Lys Gly Ser Ser Gly Ser Leu Asn Ser Ile	
35 40 45	
ccc tca ggg ctc aca gaa gct gta aaa agc ctt gac ctg tcc aac aac	315
Pro Ser Gly Leu Thr Glu Ala Val Lys Ser Leu Asp Leu Ser Asn Asn	
50 55 60	
agg atc acc tac att agc aac agt gac cta cag agg tgt gtg aac ctc	363
Arg Ile Thr Tyr Ile Ser Asn Ser Asp Leu Gln Arg Cys Val Asn Leu	
65 70 75	
cag gct ctg gtg ctg aca tcc aat gga att aac aca ata gag gaa gat	411
Gln Ala Leu Val Leu Thr Ser Asn Gly Ile Asn Thr Ile Glu Glu Asp	
80 85 90	
tct ttt tct tcc ctg ggc agt ctt gaa cat tta gac tta tcc tat aat	459
Ser Phe Ser Ser Leu Gly Ser Leu Glu His Leu Asp Leu Ser Tyr Asn	
95 100 105 110	
tac tta tct aat tta tgc tct tcc tgg ttc aag ccc ctt tct tct tta	507
Tyr Leu Ser Asn Leu Ser Ser Ser Trp Phe Lys Pro Leu Ser Ser Leu	
115 120 125	
aca ttc tta aac tta ctg gga aat cct tac aaa acc cta ggg gaa aca	555
Thr Phe Leu Asn Leu Leu Gly Asn Pro Tyr Lys Thr Leu Gly Glu Thr	
130 135 140	
tct ctt ttt tct cat ctc aca aaa ttg caa atc ctg aga gtg gga aat	603
Ser Leu Phe Ser His Leu Thr Lys Leu Gln Ile Leu Arg Val Gly Asn	
145 150 155	
atg gac acc ttc act aag att caa aga aaa gat ttt gct gga ctt acc	651
Met Asp Thr Phe Thr Lys Ile Gln Arg Lys Asp Phe Ala Gly Leu Thr	
160 165 170	
ttc ctt gag gaa ctt gag att gat gct tca gat cta cag agc tat gag	699
Phe Leu Glu Glu Leu Glu Ile Asp Ala Ser Asp Leu Gln Ser Tyr Glu	
175 180 185 190	
cca aaa agt ttg aag tca att cag aac gta agt cat ctg atc ctt cat	747
Pro Lys Ser Leu Lys Ser Ile Gln Asn Val Ser His Leu Ile Leu His	
195 200 205	
atg aag cag cat att tta ctg ctg gag att ttt gta gat gtt aca agt	795
Met Lys Gln His Ile Leu Leu Leu Glu Ile Phe Val Asp Val Thr Ser	
210 215 220	
tcc gtg gaa tgt ttg gaa ctg cga gat act gat ttg gac act ttc cat	843
Ser Val Glu Cys Leu Glu Leu Arg Asp Thr Asp Leu Asp Thr Phe His	
225 230 235	
ttt tca gaa cta tcc act ggt gaa aca aat tca ttg att aaa aag ttt	891
Phe Ser Glu Leu Ser Thr Gly Glu Thr Asn Ser Leu Ile Lys Lys Phe	
240 245 250	
aca ttt aga aat gtg aaa atc acc gat gaa agt ttg ttt cag gtt atg	939
Thr Phe Arg Asn Val Lys Ile Thr Asp Glu Ser Leu Phe Gln Val Met	



255	260	265	270	
aaa ctt ttg aat cag att tct gga ttg tta gaa tta gag ttt gat gac				987
Lys Leu Leu Asn Gln Ile Ser Gly Leu Leu Glu Leu Glu Phe Asp Asp				
	275	280	285	
tgt acc ctt aat gga gtt ggt aat ttt aga gca tct gat aat gac aga				1035
Cys Thr Leu Asn Gly Val Gly Asn Phe Arg Ala Ser Asp Asn Asp Arg				
	290	295	300	
gtt ata gat cca ggt aaa gtg gaa acg tta aca atc cgg agg ctg cat				1083
Val Ile Asp Pro Gly Lys Val Glu Thr Leu Thr Ile Arg Arg Leu His				
	305	310	315	
att cca agg ttt tac tta ttt tat gat ctg agc act tta tat tca ctt				1131
Ile Pro Arg Phe Tyr Leu Phe Tyr Asp Leu Ser Thr Leu Tyr Ser Leu				
	320	325	330	
aca gaa aga gtt aaa aga atc aca gta gaa aac agt aaa gtt ttt ctg				1179
Thr Glu Arg Val Lys Arg Ile Thr Val Glu Asn Ser Lys Val Phe Leu				
	335	340	345	350
gtt cct tgt tta ctt tca caa cat tta aaa tca tta gaa tac ttg gat				1227
Val Pro Cys Leu Leu Ser Gln His Leu Lys Ser Leu Glu Tyr Leu Asp				
	355	360	365	
ctc agt gaa aat ttg atg gtt gaa gaa tac ttg aaa aat tca gcc tgt				1275
Leu Ser Glu Asn Leu Met Val Glu Glu Tyr Leu Lys Asn Ser Ala Cys				
	370	375	380	
gag gat gcc tgg ccc tct cta caa act tta att tta agg caa aat cat				1323
Glu Asp Ala Trp Pro Ser Leu Gln Thr Leu Ile Leu Arg Gln Asn His				
	385	390	395	
ttg gca tca ttg gaa aaa acc gga gag act ttg ctc act ctg aaa aac				1371
Leu Ala Ser Leu Glu Lys Thr Gly Glu Thr Leu Leu Thr Leu Lys Asn				
	400	405	410	
ttg act aac att gat atc agt aag aat agt ttt cat tct atg cct gaa				1419
Leu Thr Asn Ile Asp Ile Ser Lys Asn Ser Phe His Ser Met Pro Glu				
	415	420	425	430
act tgt cag tgg cca gaa aag atg aaa tat ttg aac tta tcc agc aca				1467
Thr Cys Gln Trp Pro Glu Lys Met Lys Tyr Leu Asn Leu Ser Ser Thr				
	435	440	445	
cga ata cac agt gta aca ggc tgc att ccc aag aca ctg gaa att tta				1515
Arg Ile His Ser Val Thr Gly Cys Ile Pro Lys Thr Leu Glu Ile Leu				
	450	455	460	
gat gtt agc aac aac aat ctc aat tta ttt tct ttg aat ttg ccg caa				1563
Asp Val Ser Asn Asn Asn Leu Asn Leu Phe Ser Leu Asn Leu Pro Gln				
	465	470	475	
ctc aaa gaa ctt tat att tcc aga aat aag ttg atg act cta cca gat				1611
Leu Lys Glu Leu Tyr Ile Ser Arg Asn Lys Leu Met Thr Leu Pro Asp				
	480	485	490	
gcc tcc ctc tta ccc atg tta cta gta ttg aaa atc agt agg aat gca				1659
Ala Ser Leu Leu Pro Met Leu Leu Val Leu Lys Ile Ser Arg Asn Ala				
	495	500	505	510

ata	act	acg	ttt	tct	aag	gag	caa	ctt	gac	tca	ttt	cac	aca	ctg	aag	1707
Ile	Thr	Thr	Phe	Ser	Lys	Glu	Gln	Leu	Asp	Ser	Phe	His	Thr	Leu	Lys	
				515					520					525		
act	ttg	gaa	gct	ggg	ggc	aat	aac	ttc	att	tgc	tcc	tgt	gaa	ttc	ctc	1755
Thr	Leu	Glu	Ala	Gly	Gly	Asn	Asn	Phe	Ile	Cys	Ser	Cys	Glu	Phe	Leu	
			530					535					540			
tcc	ttc	act	cag	gag	cag	caa	gca	ctg	gcc	aaa	gtc	ttg	att	gat	tgg	1803
Ser	Phe	Thr	Gln	Glu	Gln	Gln	Ala	Leu	Ala	Lys	Val	Leu	Ile	Asp	Trp	
			545				550					555				
cca	gca	aat	tac	ctg	tgt	gac	tct	cca	tcc	cat	gtg	cgt	ggc	cag	cag	1851
Pro	Ala	Asn	Tyr	Leu	Cys	Asp	Ser	Pro	Ser	His	Val	Arg	Gly	Gln	Gln	
	560					565					570					
gtt	cag	gat	gtc	cgc	ctc	tgc	gtg	tgc	gaa	tgt	cac	agg	aca	gca	ctg	1899
Val	Gln	Asp	Val	Arg	Leu	Ser	Val	Ser	Glu	Cys	His	Arg	Thr	Ala	Leu	
	575				580				585						590	
gtg	tct	ggc	atg	tgc	tgt	gct	ctg	ttc	ctg	ctg	atc	ctg	ctc	acg	ggg	1947
Val	Ser	Gly	Met	Cys	Cys	Ala	Leu	Phe	Leu	Leu	Ile	Leu	Leu	Thr	Gly	
				595					600					605		
gtc	ctg	tgc	cac	cgt	ttc	cat	ggc	ctg	tgg	tat	atg	aaa	atg	atg	tgg	1995
Val	Leu	Cys	His	Arg	Phe	His	Gly	Leu	Trp	Tyr	Met	Lys	Met	Met	Trp	
			610					615					620			
gcc	tgg	ctc	cag	gcc	aaa	agg	aag	ccc	agg	aaa	gct	ccc	agc	agg	aac	2043
Ala	Trp	Leu	Gln	Ala	Lys	Arg	Lys	Pro	Arg	Lys	Ala	Pro	Ser	Arg	Asn	
		625					630					635				
atc	tgc	tat	gat	gca	ttt	gtt	tct	tac	agt	gag	cgg	gat	gcc	tac	tgg	2091
Ile	Cys	Tyr	Asp	Ala	Phe	Val	Ser	Tyr	Ser	Glu	Arg	Asp	Ala	Tyr	Trp	
	640					645					650					
gtg	gag	aac	ctt	atg	gtc	cag	gag	ctg	gag	aac	ttc	aat	ccc	ccc	ttc	2139
Val	Glu	Asn	Leu	Met	Val	Gln	Glu	Leu	Glu	Asn	Phe	Asn	Pro	Pro	Phe	
	655				660				665						670	
aag	ttg	tgt	ctt	cat	aag	cgg	gac	ttc	att	cct	ggc	aag	tgg	atc	att	2187
Lys	Leu	Cys	Leu	His	Lys	Arg	Asp	Phe	Ile	Pro	Gly	Lys	Trp	Ile	Ile	
				675					680					685		
gac	aat	atc	att	gac	tcc	att	gaa	aag	agc	cac	aaa	act	gtc	ttt	gtg	2235
Asp	Asn	Ile	Ile	Asp	Ser	Ile	Glu	Lys	Ser	His	Lys	Thr	Val	Phe	Val	
			690					695					700			
ctt	tct	gaa	aac	ttt	gtg	aag	agt	gag	tgg	tgc	aag	tat	gaa	ctg	gac	2283
Leu	Ser	Glu	Asn	Phe	Val	Lys	Ser	Glu	Trp	Cys	Lys	Tyr	Glu	Leu	Asp	
		705					710					715				
ttc	tcc	cat	ttc	cgt	ctt	ttt	gaa	gag	aac	aat	gat	gct	gcc	att	ctc	2331
Phe	Ser	His	Phe	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Asn	Asn	Asp	Ala	Ala	Ile	Leu	
		720				725					730					
att	ctt	ctg	gag	ccc	att	gag	aaa	aaa	gcc	att	ccc	cag	cgc	ttc	tgc	2379
Ile	Leu	Leu	Glu	Pro	Ile	Glu	Lys	Lys	Ala	Ile	Pro	Gln	Arg	Phe	Cys	
					740					745					750	
aag	ctg	cgg	aag	ata	atg	aac	acc	aag	acc	tac	ctg	gag	tgg	ccc	atg	2427
Lys	Leu	Arg	Lys	Ile	Met	Asn	Thr	Lys	Thr	Tyr	Leu	Glu	Trp	Pro	Met	

755                      760                      765  
 gac gag gct cag cgg gaa gga ttt tgg gta aat ctg aga gct gcg ata 2475  
 Asp Glu Ala Gln Arg Glu Gly Phe Trp Val Asn Leu Arg Ala Ala Ile  
                     770                      775                      780  
 aag tcc tag gttcccatat ttaagaccag tctttgtcta gttgggatct 2524  
 Lys Ser  
                     785  
 ttatgtcact agttatagtt aagttcattc agacataatt atataaaaac tacgtggatg 2584  
 taccgtcatt tgagga 2600

<210> 6  
 <211> 784  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 6  
 Met Pro His Thr Leu Trp Met Val Trp Val Leu Gly Val Ile Ile Ser  
   1                                    5                                    10                                    15  
 Leu Ser Lys Glu Glu Ser Ser Asn Gln Ala Ser Leu Ser Cys Asp Arg  
                     20                                    25                                    30  
 Asn Gly Ile Cys Lys Gly Ser Ser Gly Ser Leu Asn Ser Ile Pro Ser  
                     35                                    40                                    45  
 Gly Leu Thr Glu Ala Val Lys Ser Leu Asp Leu Ser Asn Asn Arg Ile  
                     50                                    55                                    60  
 Thr Tyr Ile Ser Asn Ser Asp Leu Gln Arg Cys Val Asn Leu Gln Ala  
                     65                                    70                                    75                                    80  
 Leu Val Leu Thr Ser Asn Gly Ile Asn Thr Ile Glu Glu Asp Ser Phe  
                     85                                    90                                    95  
 Ser Ser Leu Gly Ser Leu Glu His Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Tyr Leu  
                     100                                    105                                    110  
 Ser Asn Leu Ser Ser Ser Trp Phe Lys Pro Leu Ser Ser Leu Thr Phe  
                     115                                    120                                    125  
 Leu Asn Leu Leu Gly Asn Pro Tyr Lys Thr Leu Gly Glu Thr Ser Leu  
                     130                                    135                                    140  
 Phe Ser His Leu Thr Lys Leu Gln Ile Leu Arg Val Gly Asn Met Asp  
                     145                                    150                                    155                                    160  
 Thr Phe Thr Lys Ile Gln Arg Lys Asp Phe Ala Gly Leu Thr Phe Leu  
                     165                                    170                                    175  
 Glu Glu Leu Glu Ile Asp Ala Ser Asp Leu Gln Ser Tyr Glu Pro Lys  
                     180                                    185                                    190  
 Ser Leu Lys Ser Ile Gln Asn Val Ser His Leu Ile Leu His Met Lys  
                     195                                    200                                    205  
 Gln His Ile Leu Leu Leu Glu Ile Phe Val Asp Val Thr Ser Ser Val

210	215	220
Glu Cys Leu Glu Leu Arg Asp Thr Asp Leu Asp Thr Phe His Phe Ser 225 230 235 240		
Glu Leu Ser Thr Gly Glu Thr Asn Ser Leu Ile Lys Lys Phe Thr Phe 245 250 255		
Arg Asn Val Lys Ile Thr Asp Glu Ser Leu Phe Gln Val Met Lys Leu 260 265 270		
Leu Asn Gln Ile Ser Gly Leu Leu Glu Leu Glu Phe Asp Asp Cys Thr 275 280 285		
Leu Asn Gly Val Gly Asn Phe Arg Ala Ser Asp Asn Asp Arg Val Ile 290 295 300		
Asp Pro Gly Lys Val Glu Thr Leu Thr Ile Arg Arg Leu His Ile Pro 305 310 315 320		
Arg Phe Tyr Leu Phe Tyr Asp Leu Ser Thr Leu Tyr Ser Leu Thr Glu 325 330 335		
Arg Val Lys Arg Ile Thr Val Glu Asn Ser Lys Val Phe Leu Val Pro 340 345 350		
Cys Leu Leu Ser Gln His Leu Lys Ser Leu Glu Tyr Leu Asp Leu Ser 355 360 365		
Glu Asn Leu Met Val Glu Glu Tyr Leu Lys Asn Ser Ala Cys Glu Asp 370 375 380		
Ala Trp Pro Ser Leu Gln Thr Leu Ile Leu Arg Gln Asn His Leu Ala 385 390 395 400		
Ser Leu Glu Lys Thr Gly Glu Thr Leu Leu Thr Leu Lys Asn Leu Thr 405 410 415		
Asn Ile Asp Ile Ser Lys Asn Ser Phe His Ser Met Pro Glu Thr Cys 420 425 430		
Gln Trp Pro Glu Lys Met Lys Tyr Leu Asn Leu Ser Ser Thr Arg Ile 435 440 445		
His Ser Val Thr Gly Cys Ile Pro Lys Thr Leu Glu Ile Leu Asp Val 450 455 460		
Ser Asn Asn Asn Leu Asn Leu Phe Ser Leu Asn Leu Pro Gln Leu Lys 465 470 475 480		
Glu Leu Tyr Ile Ser Arg Asn Lys Leu Met Thr Leu Pro Asp Ala Ser 485 490 495		
Leu Leu Pro Met Leu Leu Val Leu Lys Ile Ser Arg Asn Ala Ile Thr 500 505 510		
Thr Phe Ser Lys Glu Gln Leu Asp Ser Phe His Thr Leu Lys Thr Leu 515 520 525		
Glu Ala Gly Gly Asn Asn Phe Ile Cys Ser Cys Glu Phe Leu Ser Phe 530 535 540		

Thr Gln Glu Gln Gln Ala Leu Ala Lys Val Leu Ile Asp Trp Pro Ala  
 545 550 555 560  
 Asn Tyr Leu Cys Asp Ser Pro Ser His Val Arg Gly Gln Gln Val Gln  
 565 570 575  
 Asp Val Arg Leu Ser Val Ser Glu Cys His Arg Thr Ala Leu Val Ser  
 580 585 590  
 Gly Met Cys Cys Ala Leu Phe Leu Leu Ile Leu Leu Thr Gly Val Leu  
 595 600 605  
 Cys His Arg Phe His Gly Leu Trp Tyr Met Lys Met Met Trp Ala Trp  
 610 615 620  
 Leu Gln Ala Lys Arg Lys Pro Arg Lys Ala Pro Ser Arg Asn Ile Cys  
 625 630 635 640  
 Tyr Asp Ala Phe Val Ser Tyr Ser Glu Arg Asp Ala Tyr Trp Val Glu  
 645 650 655  
 Asn Leu Met Val Gln Glu Leu Glu Asn Phe Asn Pro Pro Phe Lys Leu  
 660 665 670  
 Cys Leu His Lys Arg Asp Phe Ile Pro Gly Lys Trp Ile Ile Asp Asn  
 675 680 685  
 Ile Ile Asp Ser Ile Glu Lys Ser His Lys Thr Val Phe Val Leu Ser  
 690 695 700  
 Glu Asn Phe Val Lys Ser Glu Trp Cys Lys Tyr Glu Leu Asp Phe Ser  
 705 710 715 720  
 His Phe Arg Leu Phe Glu Glu Asn Asn Asp Ala Ala Ile Leu Ile Leu  
 725 730 735  
 Leu Glu Pro Ile Glu Lys Lys Ala Ile Pro Gln Arg Phe Cys Lys Leu  
 740 745 750  
 Arg Lys Ile Met Asn Thr Lys Thr Tyr Leu Glu Trp Pro Met Asp Glu  
 755 760 765  
 Ala Gln Arg Glu Gly Phe Trp Val Asn Leu Arg Ala Ala Ile Lys Ser  
 770 775 780

&lt;210&gt; 7

&lt;211&gt; 3811

&lt;212&gt; ADNC

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (285)..(2684)

&lt;223&gt; Récepteur Tlr4 d'origine humaine.

&lt;400&gt; 7

acagggccac tgctgctcac agaagcagtg aggatgatgc caggatgatg tctgcctcgc 60

gcctggctgg gactctgate ccagccatgg ccttcctctc ctgcgtgaga ccagaaagct 120

gggagccctg	cgtggagact	tggccctaaa	ccacacagaa	gagctggcat	gaaaccaga	180
gctttcagac	tccggagcct	cagcccttca	ccccgattcc	attgcttctt	gctaaatgct	240
gccgttttat	cacggagggtg	gttcctaata	ttacttatca	atgc	atg gag ctg aat Met Glu Leu Asn 1	296
ttc tac aaa atc ccc gac aac ctc ccc ttc tca acc aag aac ctg gac						344
Phe Tyr Lys Ile Pro Asp Asn Leu Pro Phe Ser Thr Lys Asn Leu Asp						
5		10		15	20	
ctg agc ttt aat ccc ctg agg cat tta ggc agc tat agc ttc ttc agt						392
Leu Ser Phe Asn Pro Leu Arg His Leu Gly Ser Tyr Ser Phe Phe Ser						
	25		30		35	
ttc cca gaa ctg cag gtg ctg gat tta tcc agg tgt gaa atc cag aca						440
Phe Pro Glu Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser Arg Cys Glu Ile Gln Thr						
	40		45		50	
att gaa gat ggg gca tat cag agc cta agc cac ctc tct acc tta ata						488
Ile Glu Asp Gly Ala Tyr Gln Ser Leu Ser His Leu Ser Thr Leu Ile						
	55		60		65	
ttg aca gga aac ccc atc cag agt tta gcc ctg gga gcc ttt tct gga						536
Leu Thr Gly Asn Pro Ile Gln Ser Leu Ala Leu Gly Ala Phe Ser Gly						
	70		75		80	
cta tca agt tta cag aag ctg gtg gct gtg gag aca aat cta gca tct						584
Leu Ser Ser Leu Gln Lys Leu Val Ala Val Glu Thr Asn Leu Ala Ser						
	85		90		95	100
cta gag aac ttc ccc att gga cat ctc aaa act ttg aaa gaa ctt aat						632
Leu Glu Asn Phe Pro Ile Gly His Leu Lys Thr Leu Lys Glu Leu Asn						
	105		110		115	
gtg gct cac aat ctt atc caa tct ttc aaa tta cct gag tat ttt tct						680
Val Ala His Asn Leu Ile Gln Ser Phe Lys Leu Pro Glu Tyr Phe Ser						
	120		125		130	
aat ctg acc aat cta gag cac ttg gac ctt tcc agc aac aag att caa						728
Asn Leu Thr Asn Leu Glu His Leu Asp Leu Ser Ser Asn Lys Ile Gln						
	135		140		145	
agt att tat tgc aca gac ttg cgg gtt cta cat caa atg ccc cta ctc						776
Ser Ile Tyr Cys Thr Asp Leu Arg Val Leu His Gln Met Pro Leu Leu						
	150		155		160	
aat ctc tct tta gac ctg tcc ctg aac cct atg aac ttt atc caa cca						824
Asn Leu Ser Leu Asp Leu Ser Leu Asn Pro Met Asn Phe Ile Gln Pro						
	165		170		175	180
ggg gca ttt aaa gaa att agg ctt cat aag ctg act tta aga aat aat						872
Gly Ala Phe Lys Glu Ile Arg Leu His Lys Leu Thr Leu Arg Asn Asn						
	185		190		195	
ttt gat agt tta aat gta atg aaa act tgt att caa ggt ctg gct ggt						920
Phe Asp Ser Leu Asn Val Met Lys Thr Cys Ile Gln Gly Leu Ala Gly						
	200		205		210	
tta gaa gtc cat cgt ttg gtt ctg gga gaa ttt aga aat gaa gga aac						968

Leu	Glu	Val	His	Arg	Leu	Val	Leu	Gly	Glu	Phe	Arg	Asn	Glu	Gly	Asn		
		215					220					225					
ttg	gaa	aag	ttt	gac	aaa	tct	gct	cta	gag	ggc	ctg	tgc	aat	ttg	acc	1016	
Leu	Glu	Lys	Phe	Asp	Lys	Ser	Ala	Leu	Glu	Gly	Leu	Cys	Asn	Leu	Thr		
		230				235					240						
att	gaa	gaa	ttc	cga	tta	gca	tac	tta	gac	tac	tac	ctc	gat	gat	att	1064	
Ile	Glu	Glu	Phe	Arg	Leu	Ala	Tyr	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Leu	Asp	Asp	Ile		
		245			250					255					260		
att	gac	tta	ttt	aat	tgt	ttg	aca	aat	gtt	tct	tca	ttt	tcc	ctg	gtg	1112	
Ile	Asp	Leu	Phe	Asn	Cys	Leu	Thr	Asn	Val	Ser	Ser	Phe	Ser	Leu	Val		
				265					270					275			
agt	gtg	act	att	gaa	agg	gta	aaa	gac	ttt	tct	tat	aat	ttc	gga	tgg	1160	
Ser	Val	Thr	Ile	Glu	Arg	Val	Lys	Asp	Phe	Ser	Tyr	Asn	Phe	Gly	Trp		
			280					285					290				
caa	cat	tta	gaa	tta	gtt	aac	tgt	aaa	ttt	gga	cag	ttt	ccc	aca	ttg	1208	
Gln	His	Leu	Glu	Leu	Val	Asn	Cys	Lys	Phe	Gly	Gln	Phe	Pro	Thr	Leu		
		295					300					305					
aaa	ctc	aaa	tct	ctc	aaa	agg	ctt	act	ttc	act	tcc	aac	aaa	ggg	ggg	1256	
Lys	Leu	Lys	Ser	Leu	Lys	Arg	Leu	Thr	Phe	Thr	Ser	Asn	Lys	Gly	Gly		
		310				315					320						
aat	gct	ttt	tca	gaa	gtt	gat	cta	cca	agc	ctt	gag	ttt	cta	gat	ctc	1304	
Asn	Ala	Phe	Ser	Glu	Val	Asp	Leu	Pro	Ser	Leu	Glu	Phe	Leu	Asp	Leu		
					330					335					340		
agt	aga	aat	ggc	ttg	agt	ttc	aaa	ggg	tgc	tgt	tct	caa	agt	gat	ttt	1352	
Ser	Arg	Asn	Gly	Leu	Ser	Phe	Lys	Gly	Cys	Cys	Ser	Gln	Ser	Asp	Phe		
				345					350					355			
ggg	aca	acc	agc	cta	aag	tat	tta	gat	ctg	agc	ttc	aat	ggg	gtt	att	1400	
Gly	Thr	Thr	Ser	Leu	Lys	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ser	Phe	Asn	Gly	Val	Ile		
				360				365					370				
acc	atg	agt	tca	aac	ttc	ttg	ggc	tta	gaa	caa	cta	gaa	cat	ctg	gat	1448	
Thr	Met	Ser	Ser	Asn	Phe	Leu	Gly	Leu	Glu	Gln	Leu	Glu	His	Leu	Asp		
							380					385					
ttc	cag	cat	tcc	aat	ttg	aaa	caa	atg	agt	gag	ttt	tca	gta	ttc	cta	1496	
Phe	Gln	His	Ser	Asn	Leu	Lys	Gln	Met	Ser	Glu	Phe	Ser	Val	Phe	Leu		
						395					400						
tca	ctc	aga	aac	ctc	att	tac	ctt	gac	att	tct	cat	act	cac	acc	aga	1544	
Ser	Leu	Arg	Asn	Leu	Ile	Tyr	Leu	Asp	Ile	Ser	His	Thr	His	Thr	Arg		
					410				415						420		
gtt	gct	ttc	aat	ggc	atc	ttc	aat	ggc	ttg	tcc	agt	ctc	gaa	gtc	ttg	1592	
Val	Ala	Phe	Asn	Gly	Ile	Phe	Asn	Gly	Leu	Ser	Ser	Leu	Glu	Val	Leu		
				425				430						435			
aaa	atg	gct	ggc	aat	tct	ttc	cag	gaa	aac	ttc	ctt	cca	gat	atc	ttc	1640	
Lys	Met	Ala	Gly	Asn	Ser	Phe	Gln	Glu	Asn	Phe	Leu	Pro	Asp	Ile	Phe		
				440				445					450				
aca	gag	ctg	aga	aac	ttg	acc	ttc	ctg	gac	ctc	tct	cag	tgt	caa	ctg	1688	
Thr	Glu	Leu	Arg	Asn	Leu	Thr	Phe	Leu	Asp	Leu	Ser	Gln	Cys	Gln	Leu		
		455					460					465					

gag cag ttg tct cca aca gca ttt aac tca ctc tcc agt ctt cag gta	1736
Glu Gln Leu Ser Pro Thr Ala Phe Asn Ser Leu Ser Ser Leu Gln Val	
470 475 480	
cta aat atg agc cac aac aac ttc ttt tca ttg gat acg ttt cct tat	1784
Leu Asn Met Ser His Asn Asn Phe Phe Ser Leu Asp Thr Phe Pro Tyr	
485 490 495 500	
aag tgt ctg aac tcc ctc cag gtt ctt gat tac agt ctc aat cac ata	1832
Lys Cys Leu Asn Ser Leu Gln Val Leu Asp Tyr Ser Leu Asn His Ile	
505 510 515	
atg act tcc aaa aaa cag gaa cta cag cat ttt cca agt agt cta gct	1880
Met Thr Ser Lys Lys Gln Glu Leu Gln His Phe Pro Ser Ser Leu Ala	
520 525 530	
ttc tta aat ctt act cag aat gac ttt gct tgt act tgt gaa cac cag	1928
Phe Leu Asn Leu Thr Gln Asn Asp Phe Ala Cys Thr Cys Glu His Gln	
535 540 545	
agt ttc ctg caa tgg atc aag gac cag agg cag ctc ttg gtg gaa gtt	1976
Ser Phe Leu Gln Trp Ile Lys Asp Gln Arg Gln Leu Leu Val Glu Val	
550 555 560	
gaa cga atg gaa tgt gca aca cct tca gat aag cag ggc atg cct gtg	2024
Glu Arg Met Glu Cys Ala Thr Pro Ser Asp Lys Gln Gly Met Pro Val	
565 570 575 580	
ctg agt ttg aat atc acc tgt cag atg aat aag acc atc att ggt gtg	2072
Leu Ser Leu Asn Ile Thr Cys Gln Met Asn Lys Thr Ile Ile Gly Val	
585 590 595	
tcg gtc ctc agt gtg ctt gta gta tct gtt gta gca gtt ctg gtc tat	2120
Ser Val Leu Ser Val Leu Val Val Ser Val Val Ala Val Leu Val Tyr	
600 605 610	
aag ttc tat ttt cac ctg atg ctt ctt gct ggc tgc ata aag tat ggt	2168
Lys Phe Tyr Phe His Leu Met Leu Leu Ala Gly Cys Ile Lys Tyr Gly	
615 620 625	
aga ggt gaa aac atc tat gat gcc ttt gtt atc tac tca agc cag gat	2216
Arg Gly Glu Asn Ile Tyr Asp Ala Phe Val Ile Tyr Ser Ser Gln Asp	
630 635 640	
gag gac tgg gta agg aat gag cta gta aag aat tta gaa gaa ggg gtg	2264
Glu Asp Trp Val Arg Asn Glu Leu Val Lys Asn Leu Glu Glu Gly Val	
645 650 655 660	
cct cca ttt cag ctc tgc ctt cac tac aga gac ttt att ccc ggt gtg	2312
Pro Pro Phe Gln Leu Cys Leu His Tyr Arg Asp Phe Ile Pro Gly Val	
665 670 675	
gcc att gct gcc aac atc atc cat gaa ggt ttc cat aaa agc cga aag	2360
Ala Ile Ala Ala Asn Ile Ile His Glu Gly Phe His Lys Ser Arg Lys	
680 685 690	
gtg att gtt gtg gtg tcc cag cac ttc atc cag agc cgc tgg tgt atc	2408
Val Ile Val Val Val Ser Gln His Phe Ile Gln Ser Arg Trp Cys Ile	
695 700 705	
ttt gaa tat gag att gct cag acc tgg cag ttt ctg agc agt cgt gct	2456



Phe Glu Tyr Glu Ile Ala Gln Thr Trp Gln Phe Leu Ser Ser Arg Ala  
 710 715 720  
 ggt atc atc ttc att gtc ctg cag aag gtg gag aag acc ctg ctc agg 2504  
 Gly Ile Ile Phe Ile Val Leu Gln Lys Val Glu Lys Thr Leu Leu Arg  
 725 730 735 740  
 cag cag gtg gag ctg tac cgc ctt ctc agc agg aac act tac ctg gag 2552  
 Gln Gln Val Glu Leu Tyr Arg Leu Leu Ser Arg Asn Thr Tyr Leu Glu  
 745 750 755  
 tgg gag gac agt gtc ctg ggg cgg cac atc ttc tgg aga cga ctc aga 2600  
 Trp Glu Asp Ser Val Leu Gly Arg His Ile Phe Trp Arg Arg Leu Arg  
 760 765 770  
 aaa gcc ctg ctg gat ggt aaa tca tgg aat cca gaa gga aca gtg ggt 2648  
 Lys Ala Leu Leu Asp Gly Lys Ser Trp Asn Pro Glu Gly Thr Val Gly  
 775 780 785  
 aca gga tgc aat tgg cag gaa gca aca tct atc tga agaggaaaaa 2694  
 Thr Gly Cys Asn Trp Gln Glu Ala Thr Ser Ile 800  
 taaaaacctc ctgaggcatt tcttgcccag ctgggtccaa cacttggttca gttaataagt 2754  
 attaaatgct gccacatgtc aggccttatg ctaagggtga gtaattccat ggtgcactag 2814  
 atatgcaggg ctgctaattct caaggagctt ccagtgcaga gggaataaat gctagactaa 2874  
 aatacagagt cttccagggtg ggcatttcaa ccaactcagt caaggaaccc atgacaaaaga 2934  
 aagtcatttc aactcttacc tcatcaagtt gaataaagac agagaaaaca gaaagagaca 2994  
 ttgttctttt cctgagtctt ttgaatggaa attgtattat gttatagcca tcataaaacc 3054  
 attttbggtag ttttgactga actgggtggt cactttttcc tttttgattg aatacaattt 3114  
 aaattctact tgatgactgc agtcgtcaag gggctcctga tgcaagatgc cccttccatt 3174  
 ttaagtctgt ctccttacag aggttaaagt ctaatggcta attcctaagg aaacctgatt 3234  
 aacacatgct cacaaccatc ctggtcattc tcgaacatgt tctatttttt aactaatcac 3294  
 ccctgatata tttttatttt tatatatcca gttttcattt ttttacgtct tgcctataag 3354  
 ctaatatcat aaataagggt gtttaagacg tgcttcaa atccatatta accactattt 3414  
 ttcaaggaag tatggaaaag tacactctgt cactttgtca ctgatgtca ttccaaagtt 3474  
 attgcctact aagtaatgac tgcctatgaa gcagcattga aataatttgt ttaaaggggg 3534  
 cactctttta aacgggaaga aaatttccgc ttcctgggtct tatcatggac aatttgggct 3594  
 ataggcatga aggaagtggg attacctcag gaagtcacct tttcttgatt ccagaaacat 3654  
 atgggctgat aaacccgggg tgacctcatg aaatgagttg cagcagatgt ttattttttt 3714  
 cagaacaagt gatgtttgat ggacctatga atctatttag ggagacacag atggctggga 3774  
 tccctccctt gtaccttct cactgacagg agaacta 3811

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 799

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;400&gt; 8

```

Met Glu Leu Asn Phe Tyr Lys Ile Pro Asp Asn Leu Pro Phe Ser Thr
  1              5              10              15

Lys Asn Leu Asp Leu Ser Phe Asn Pro Leu Arg His Leu Gly Ser Tyr
          20              25              30

Ser Phe Phe Ser Phe Pro Glu Leu Gln Val Leu Asp Leu Ser Arg Cys
          35              40              45

Glu Ile Gln Thr Ile Glu Asp Gly Ala Tyr Gln Ser Leu Ser His Leu
  50              55              60

Ser Thr Leu Ile Leu Thr Gly Asn Pro Ile Gln Ser Leu Ala Leu Gly
  65              70              75              80

Ala Phe Ser Gly Leu Ser Ser Leu Gln Lys Leu Val Ala Val Glu Thr
          85              90              95

Asn Leu Ala Ser Leu Glu Asn Phe Pro Ile Gly His Leu Lys Thr Leu
          100              105              110

Lys Glu Leu Asn Val Ala His Asn Leu Ile Gln Ser Phe Lys Leu Pro
          115              120              125

Glu Tyr Phe Ser Asn Leu Thr Asn Leu Glu His Leu Asp Leu Ser Ser
          130              135              140

Asn Lys Ile Gln Ser Ile Tyr Cys Thr Asp Leu Arg Val Leu His Gln
          145              150              155              160

Met Pro Leu Leu Asn Leu Ser Leu Asp Leu Ser Leu Asn Pro Met Asn
          165              170              175

Phe Ile Gln Pro Gly Ala Phe Lys Glu Ile Arg Leu His Lys Leu Thr
          180              185              190

Leu Arg Asn Asn Phe Asp Ser Leu Asn Val Met Lys Thr Cys Ile Gln
          195              200              205

Gly Leu Ala Gly Leu Glu Val His Arg Leu Val Leu Gly Glu Phe Arg
          210              215              220

Asn Glu Gly Asn Leu Glu Lys Phe Asp Lys Ser Ala Leu Glu Gly Leu
          225              230              235              240

Cys Asn Leu Thr Ile Glu Glu Phe Arg Leu Ala Tyr Leu Asp Tyr Tyr
          245              250              255

Leu Asp Asp Ile Ile Asp Leu Phe Asn Cys Leu Thr Asn Val Ser Ser
          260              265              270

Phe Ser Leu Val Ser Val Thr Ile Glu Arg Val Lys Asp Phe Ser Tyr
          275              280              285

Asn Phe Gly Trp Gln His Leu Glu Leu Val Asn Cys Lys Phe Gly Gln

```

290					295					300					
Phe 305	Pro	Thr	Leu	Lys	Leu 310	Lys	Ser	Leu	Lys	Arg 315	Leu	Thr	Phe	Thr	Ser 320
Asn	Lys	Gly	Gly	Asn 325	Ala	Phe	Ser	Glu	Val 330	Asp	Leu	Pro	Ser	Leu 335	Glu
Phe	Leu	Asp	Leu 340	Ser	Arg	Asn	Gly	Leu 345	Ser	Phe	Lys	Gly	Cys 350	Cys	Ser
Gln	Ser	Asp 355	Phe	Gly	Thr	Thr	Ser	Leu 360	Lys	Tyr	Leu	Asp 365	Leu	Ser	Phe
Asn 370	Gly	Val	Ile	Thr	Met	Ser 375	Ser	Asn	Phe	Leu	Gly 380	Leu	Glu	Gln	Leu
Glu 385	His	Leu	Asp	Phe	Gln 390	His	Ser	Asn	Leu	Lys 395	Gln	Met	Ser	Glu	Phe 400
Ser	Val	Phe	Leu	Ser 405	Leu	Arg	Asn	Leu	Ile 410	Tyr	Leu	Asp	Ile	Ser	His 415
Thr	His	Thr	Arg 420	Val	Ala	Phe	Asn	Gly 425	Ile	Phe	Asn	Gly	Leu 430	Ser	Ser
Leu	Glu	Val 435	Leu	Lys	Met	Ala	Gly 440	Asn	Ser	Phe	Gln	Glu	Asn 445	Phe	Leu
Pro	Asp 450	Ile	Phe	Thr	Glu	Leu 455	Arg	Asn	Leu	Thr	Phe	Leu	Asp	Leu	Ser
Gln 465	Cys	Gln	Leu	Glu 470	Gln	Leu	Ser	Pro	Thr	Ala 475	Phe	Asn	Ser	Leu	Ser 480
Ser	Leu	Gln	Val 485	Leu	Asn	Met	Ser	His 490	Asn	Asn	Phe	Phe	Ser	Leu 495	Asp
Thr	Phe	Pro	Tyr 500	Lys	Cys	Leu	Asn	Ser 505	Leu	Gln	Val	Leu	Asp 510	Tyr	Ser
Leu	Asn 515	His	Ile	Met	Thr	Ser	Lys 520	Lys	Gln	Glu	Leu	Gln 525	His	Phe	Pro
Ser	Ser 530	Leu	Ala	Phe	Leu	Asn 535	Leu	Thr	Gln	Asn	Asp 540	Phe	Ala	Cys	Thr
Cys 545	Glu	His	Gln	Ser	Phe 550	Leu	Gln	Trp	Ile	Lys 555	Asp	Gln	Arg	Gln	Leu 560
Leu	Val	Glu	Val 565	Glu	Arg	Met	Glu	Cys	Ala 570	Thr	Pro	Ser	Asp	Lys 575	Gln
Gly	Met	Pro	Val 580	Leu	Ser	Leu	Asn	Ile 585	Thr	Cys	Gln	Met	Asn 590	Lys	Thr
Ile	Ile	Gly 595	Val	Ser	Val	Leu	Ser 600	Val	Leu	Val	Val	Ser 605	Val	Val	Ala
Val	Leu	Val	Tyr	Lys	Phe	Tyr 615	Phe	His	Leu	Met	Leu	Leu	Ala	Gly	Cys 620

Ile Lys Tyr Gly Arg Gly Glu Asn Ile Tyr Asp Ala Phe Val Ile Tyr  
625 630 635 640

Ser Ser Gln Asp Glu Asp Trp Val Arg Asn Glu Leu Val Lys Asn Leu  
645 650 655

Glu Glu Gly Val Pro Pro Phe Gln Leu Cys Leu His Tyr Arg Asp Phe  
660 665 670

Ile Pro Gly Val Ala Ile Ala Ala Asn Ile Ile His Glu Gly Phe His  
675 680 685

Lys Ser Arg Lys Val Ile Val Val Val Ser Gln His Phe Ile Gln Ser  
690 695 700

Arg Trp Cys Ile Phe Glu Tyr Glu Ile Ala Gln Thr Trp Gln Phe Leu  
705 710 715 720

Ser Ser Arg Ala Gly Ile Ile Phe Ile Val Leu Gln Lys Val Glu Lys  
725 730 735

Thr Leu Leu Arg Gln Gln Val Glu Leu Tyr Arg Leu Leu Ser Arg Asn  
740 745 750

Thr Tyr Leu Glu Trp Glu Asp Ser Val Leu Gly Arg His Ile Phe Trp  
755 760 765

Arg Arg Leu Arg Lys Ala Leu Leu Asp Gly Lys Ser Trp Asn Pro Glu  
770 775 780

Gly Thr Val Gly Thr Gly Cys Asn Trp Gln Glu Ala Thr Ser Ile  
785 790 795

<210> 9

<211> 1327

<212> ADNc

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1203)

<223> Récepteur CD14 d'origine humaine

<400> 9

gccgctgtgt aggaagaag ctaaagcact tccagagcct gtccggagct cagaggttcg 60

gaagacttat cgacc atg gag cgc gcg tcc tgc ttg ttg ctg ctg ctg 111  
Met Glu Arg Ala Ser Cys Leu Leu Leu Leu Leu  
1 5 10

ccg ctg gtg cac gtc tct gcg acc acg cca gaa cct tgt gag ctg gac 159  
Pro Leu Val His Val Ser Ala Thr Thr Pro Glu Pro Cys Glu Leu Asp  
15 20 25

gat gaa gat ttc cgc tgc gtc tgc aac ttc tcc gaa cct cag ccc gac 207  
Asp Glu Asp Phe Arg Cys Val Cys Asn Phe Ser Glu Pro Gln Pro Asp  
30 35 40

tgg tcc gaa gcc ttc cag tgt gtg tct gca gta gag gtg gag atc cat 255  
Trp Ser Glu Ala Phe Gln Cys Val Ser Ala Val Glu Val Glu Ile His

45	50	55	60	
gcc ggc ggt ctc aac cta gag ccg ttt cta aag cgc gtc gat gcg gac	303			
Ala Gly Gly Leu Asn Leu Glu Pro Phe Leu Lys Arg Val Asp Ala Asp				
65 70 75				
gcc gac ccg cgg cag tat gct gac acg gtc aag gct ctc cgc gtg cgg	351			
Ala Asp Pro Arg Gln Tyr Ala Asp Thr Val Lys Ala Leu Arg Val Arg				
80 85 90				
cgg ctc aca gtg gga gcc gca cag gtt cct gct cag cta ctg gta ggc	399			
Arg Leu Thr Val Gly Ala Ala Gln Val Pro Ala Gln Leu Leu Val Gly				
95 100 105				
gcc ctg cgt gtg cta gcg tac tcc cgc ctc aag gaa ctg acg ctc gag	447			
Ala Leu Arg Val Leu Ala Tyr Ser Arg Leu Lys Glu Leu Thr Leu Glu				
110 115 120				
gac cta aag ata acc ggc acc atg cct ccg ctg cct ctg gaa gcc aca	495			
Asp Leu Lys Ile Thr Gly Thr Met Pro Pro Leu Pro Leu Glu Ala Thr				
125 130 135 140				
gga ctt gca ctt tcc agc ttg cgc cta cgc aac gtg tcg tgg gcg aca	543			
Gly Leu Ala Leu Ser Ser Leu Arg Leu Arg Asn Val Ser Trp Ala Thr				
145 150 155				
ggg cgt tct tgg ctc gcc gag ctg cag cag tgg ctc aag cca ggc ctc	591			
Gly Arg Ser Trp Leu Ala Glu Leu Gln Gln Trp Leu Lys Pro Gly Leu				
160 165 170				
aag gta ctg agc att gcc caa gca cac tcg cct gcc ttt tcc tgc gaa	639			
Lys Val Leu Ser Ile Ala Gln Ala His Ser Pro Ala Phe Ser Cys Glu				
175 180 185				
cag gtt cgc gcc ttc ccg gcc ctt acc agc cta gac ctg tct gac aat	687			
Gln Val Arg Ala Phe Pro Ala Leu Thr Ser Leu Asp Leu Ser Asp Asn				
190 195 200				
cct gga ctg ggc gaa cgc gga ctg atg gcg gct ctc tgt ccc cac aag	735			
Pro Gly Leu Gly Glu Arg Gly Leu Met Ala Ala Leu Cys Pro His Lys				
205 210 215 220				
ttc ccg gcc atc cag aat cta gcg ctg cgc aac aca gga atg gag acg	783			
Phe Pro Ala Ile Gln Asn Leu Ala Leu Arg Asn Thr Gly Met Glu Thr				
225 230 235				
ccc aca ggc gtg tgc gcc gca ctg gcg gcg gca ggt gtg cag ccc cac	831			
Pro Thr Gly Val Cys Ala Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Gln Pro His				
240 245 250				
agc cta gac ctc agc cac aac tcg ctg cgc gcc acc gta aac cct agc	879			
Ser Leu Asp Leu Ser His Asn Ser Leu Arg Ala Thr Val Asn Pro Ser				
255 260 265				
gct ccg aga tgc atg tgg tcc agc gcc ctg aac tcc ctc aat ctg tcg	927			
Ala Pro Arg Cys Met Trp Ser Ser Ala Leu Asn Ser Leu Asn Leu Ser				
270 275 280				
ttc gct ggg ctg gaa cag gtg cct aaa gga ctg cca gcc aag ctc aga	975			
Phe Ala Gly Leu Glu Gln Val Pro Lys Gly Leu Pro Ala Lys Leu Arg				
285 290 295 300				

gtg ctc gat ctc agc tgc aac aga ctg aac agg gcg ccg cag cct gac 1023  
Val Leu Asp Leu Ser Cys Asn Arg Leu Asn Arg Ala Pro Gln Pro Asp  
305 310 315

gag ctg ccc gag gtg gat aac ctg aca ctg gac ggg aat ccc ttc ctg 1071  
Glu Leu Pro Glu Val Asp Asn Leu Thr Leu Asp Gly Asn Pro Phe Leu  
320 325 330

gtc cct gga act gcc ctc ccc cac gag ggc tca atg aac tcc ggc gtg 1119  
Val Pro Gly Thr Ala Leu Pro His Glu Gly Ser Met Asn Ser Gly Val  
335 340 345

gtc cca gcc tgt gca cgt tcg acc ctg tcg gtg ggg gtg tcg gga acc 1167  
Val Pro Ala Cys Ala Arg Ser Thr Leu Ser Val Gly Val Ser Gly Thr  
350 355 360

ctg gtg ctg ctc caa ggg gcc cgg ggc ttt gcc taa gatccaagac 1213  
Leu Val Leu Leu Gln Gly Ala Arg Gly Phe Ala  
365 370 375

agaataatga atggactcaa actgccttgg cttcagggga gtcccgtcag gacgttgagg 1273

acttttcgac caattcaacc ctttgcccca cttttattaa aatcttaaac aacg 1327

&lt;210&gt; 10

&lt;211&gt; 375

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;400&gt; 10

Met Glu Arg Ala Ser Cys Leu Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Val His  
1 5 10 15

Val Ser Ala Thr Thr Pro Glu Pro Cys Glu Leu Asp Asp Glu Asp Phe  
20 25 30

Arg Cys Val Cys Asn Phe Ser Glu Pro Gln Pro Asp Trp Ser Glu Ala  
35 40 45

Phe Gln Cys Val Ser Ala Val Glu Val Glu Ile His Ala Gly Gly Leu  
50 55 60

Asn Leu Glu Pro Phe Leu Lys Arg Val Asp Ala Asp Ala Asp Pro Arg  
65 70 75 80

Gln Tyr Ala Asp Thr Val Lys Ala Leu Arg Val Arg Arg Leu Thr Val  
85 90 95

Gly Ala Ala Gln Val Pro Ala Gln Leu Leu Val Gly Ala Leu Arg Val  
100 105 110

Leu Ala Tyr Ser Arg Leu Lys Glu Leu Thr Leu Glu Asp Leu Lys Ile  
115 120 125

Thr Gly Thr Met Pro Pro Leu Pro Leu Glu Ala Thr Gly Leu Ala Leu  
130 135 140

Ser Ser Leu Arg Leu Arg Asn Val Ser Trp Ala Thr Gly Arg Ser Trp  
145 150 155 160

Leu Ala Glu Leu Gln Gln Trp Leu Lys Pro Gly Leu Lys Val Leu Ser  
 165 170 175

Ile Ala Gln Ala His Ser Pro Ala Phe Ser Cys Glu Gln Val Arg Ala  
 180 185 190

Phe Pro Ala Leu Thr Ser Leu Asp Leu Ser Asp Asn Pro Gly Leu Gly  
 195 200 205

Glu Arg Gly Leu Met Ala Ala Leu Cys Pro His Lys Phe Pro Ala Ile  
 210 215 220

Gln Asn Leu Ala Leu Arg Asn Thr Gly Met Glu Thr Pro Thr Gly Val  
 225 230 235 240

Cys Ala Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Gln Pro His Ser Leu Asp Leu  
 245 250 255

Ser His Asn Ser Leu Arg Ala Thr Val Asn Pro Ser Ala Pro Arg Cys  
 260 265 270

Met Trp Ser Ser Ala Leu Asn Ser Leu Asn Leu Ser Phe Ala Gly Leu  
 275 280 285

Glu Gln Val Pro Lys Gly Leu Pro Ala Lys Leu Arg Val Leu Asp Leu  
 290 295 300

Ser Cys Asn Arg Leu Asn Arg Ala Pro Gln Pro Asp Glu Leu Pro Glu  
 305 310 315 320

Val Asp Asn Leu Thr Leu Asp Gly Asn Pro Phe Leu Val Pro Gly Thr  
 325 330 335

Ala Leu Pro His Glu Gly Ser Met Asn Ser Gly Val Val Pro Ala Cys  
 340 345 350

Ala Arg Ser Thr Leu Ser Val Gly Val Ser Gly Thr Leu Val Leu Leu  
 355 360 365

Gln Gly Ala Arg Gly Phe Ala  
 370 375

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 01/03352

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
 IPC 7 G01N33/68 A61K39/39

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
 IPC 7 G01N A61K C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the International search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	ABRAHAM ROSHINI ET AL: "Modulation of immunogenicity and antigenicity of proteins by maleylation to target scavenger receptors on macrophages." JOURNAL OF IMMUNOLOGY, vol. 154, no. 1, 1995, pages 1-8, XP002174946 ISSN: 0022-1767 the whole document ---	1-20
A	EP 0 783 892 A (NAT INST IMMUNOLOGY) 16 July 1997 (1997-07-16) the whole document --- -/--	1-20

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

## \* Special categories of cited documents:

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the International filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \*T\* later document published after the International filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \*G\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 February 2002

Date of mailing of the international search report

15/03/2002

Name and mailing address of the ISA  
 European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Pellegrini, P



## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 01/03352

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>HAEUW JEAN-FRANCOIS ET AL: "The recombinant Klebsiella pneumoniae outer membrane protein OmpA has carrier properties for conjugated antigenic peptides."  EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY,  vol. 255, no. 2, 2 July 1998 (1998-07-02),  pages 446-454, XP002114947  ISSN: 0014-2956  the whole document</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
A	<p>EP 0 808 899 A (SMITHKLINE BEECHAM CORP)  26 November 1997 (1997-11-26)  the whole document</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
A	<p>SINGH-JASUJA HARPREET ET AL: "The heat shock protein gp96 induces maturation of dendritic cells and down-regulation of its receptor."  EUROPEAN JOURNAL OF IMMUNOLOGY,  vol. 30, no. 8, August 2000 (2000-08),  pages 2211-2215, XP002174948  ISSN: 0014-2980  the whole document</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
P, X	<p>JEANNIN PASCALE ET AL: "OmpA targets dendritic cells, induces their maturation and delivers antigen into the MHC class I presentation pathway."  NATURE IMMUNOLOGY,  vol. 1, no. 6, December 2000 (2000-12),  pages 502-509, XP001015849  ISSN: 1529-2908  the whole document</p> <p style="text-align: center;">-----</p>	1-20

## Follow-up of Box I.2

Claims nos.: 21-37

Claims 21-37 relate to a molecule defined by reference to a desirable property, in particular its capacity to bind with scavenger particles and to be signalled via a Toll receptor, and the pharmaceutical use of said molecules. The claims comprise all the molecules having said property, whereas the patent application provides a support basis as defined by PCT Article 6 and/or a disclosure as defined by PCT Article 5 for no specific molecule. In fact, it is explicitly specified in the description that "those novel molecules obtainable by implementing the inventive method do not include ligands known to-date which are capable of binding with scavenger receptors and signalled via a Toll receptor such as HSP, lipoproteins such as OspA, Klebsiella OmpA and pEA (Pseudomonas Exotoxin A)".

That lack of support basis and disclosure is such that it is not possible to carry out any meaningful search on the subject matter covered by Claims 21-37.

The applicant's attention is drawn to the fact that claims, or parts of claims, relating to inventions in respect of which no search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that the EPO policy when acting as International Preliminary examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective of whether or not the claims are amended following receipt of the search report or during any Chapter II procedure.

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**  
Information on patent family members

International Application No  
PCT/FR 01/03352

Patent document cited in search report		Publication date		Patent family member(s)	Publication date
EP 0783892	A	16-07-1997	CA	2192717 A1	12-06-1998
			AU	698380 B2	29-10-1998
			AU	7410496 A	04-09-1997
			EP	0783892 A1	16-07-1997
<hr/>					
EP 0808899	A	26-11-1997	US	5916766 A	29-06-1999
			EP	0808899 A2	26-11-1997
			JP	10084977 A	07-04-1998
			US	6197931 B1	06-03-2001
<hr/>					

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

PCT/FR 01/03352

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE  
CIB 7 G01N33/68 A61K39/39

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

## B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 7 G01N A61K C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS

## C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	ABRAHAM ROSHINI ET AL: "Modulation of immunogenicity and antigenicity of proteins by maleylation to target scavenger receptors on macrophages." JOURNAL OF IMMUNOLOGY, vol. 154, no. 1, 1995, pages 1-8, XP002174946 ISSN: 0022-1767 le document en entier	1-20
A	EP 0 783 892 A (NAT INST IMMUNOLOGY) 16 juillet 1997 (1997-07-16) le document en entier	1-20
	-/--	

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

### \* Catégories spéciales de documents cités:

- \*A\* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- \*E\* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- \*L\* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- \*O\* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- \*P\* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- \*T\* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- \*X\* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- \*Y\* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- \*&\* document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

27 février 2002

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

15/03/2002

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale  
Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Pellegrini, P

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Démarche internationale No

PCT/FR 01/03352

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>HAEUW JEAN-FRANCOIS ET AL: "The recombinant Klebsiella pneumoniae outer membrane protein OmpA has carrier properties for conjugated antigenic peptides."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 255, no. 2, 2 juillet 1998 (1998-07-02), pages 446-454, XP002114947 ISSN: 0014-2956 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
A	<p>EP 0 808 899 A (SMITHKLINE BEECHAM CORP) 26 novembre 1997 (1997-11-26) le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
A	<p>SINGH-JASUJA HARPREET ET AL: "The heat shock protein gp96 induces maturation of dendritic cells and down-regulation of its receptor."</p> <p>EUROPEAN JOURNAL OF IMMUNOLOGY, vol. 30, no. 8, août 2000 (2000-08), pages 2211-2215, XP002174948 ISSN: 0014-2980 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-20
P,X	<p>JEANNIN PASCALE ET AL: "OmpA targets dendritic cells, induces their maturation and delivers antigen into the MHC class I presentation pathway."</p> <p>NATURE IMMUNOLOGY, vol. 1, no. 6, décembre 2000 (2000-12), pages 502-509, XP001015849 ISSN: 1529-2908 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">-----</p>	1-20

## SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDICUES SUR PCT/SA/ 210

Suite du cadre I.2

Revendications nos.: 21-37

Les revendications 21-37 se réfèrent à une molécule définie en faisant référence à une propriété souhaitable, en particulier à sa capacité de se lier aux récepteurs scavenger et de signaler via un récepteur Toll, et à l'utilisation pharmaceutique de cette molécule. Les revendications comprennent toutes les molécules ayant cette propriété, tandis que la demande de brevet ne donne un fondement au sens de l'Article 6 PCT et/ou un exposé au sens de l'article 5 PCT pour aucune molécule précise. En fait, il est explicitement précisé dans la description que "ce nouvelles molécules susceptibles d'être obtenues par la mise en oeuvre de la méthode selon l'invention n'englobent pas les ligands connus à ce jour qui seraient susceptibles de se lier aux récepteurs scavenger et signalées via un récepteur Toll tels que les HSP, les lipoprotéines telles que les OspA, l'OmpA de Klebsiella pneumoniae et le pEA (Pseudomonas Exotoxin A)".

Ce manque de fondement et exposé est tel qu'une recherche significative sur la matière couverte par les revendications 21-37 est impossible.

L'attention du déposant est attirée sur le fait que les revendications, ou des parties de revendications, ayant trait aux inventions pour lesquelles aucun rapport de recherche n'a été établi ne peuvent faire obligatoirement l'objet d'un rapport préliminaire d'examen (Règle 66.1(e) PCT). Le déposant est averti que la ligne de conduite adoptée par l'OEB agissant en qualité d'administration chargée de l'examen préliminaire international est, normalement, de ne pas procéder à un examen préliminaire sur un sujet n'ayant pas fait l'objet d'une recherche. Cette attitude restera inchangée, indépendamment du fait que les revendications aient ou n'aient pas été modifiées, soit après la réception du rapport de recherche, soit pendant une quelconque procédure sous le Chapitre II.

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Demande internationale No

PCT/FR 01/03352

Document brevet cité au rapport de recherche		Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
EP 0783892	A	16-07-1997	CA 2192717 A1	12-06-1998
			AU 698380 B2	29-10-1998
			AU 7410496 A	04-09-1997
			EP 0783892 A1	16-07-1997
EP 0808899	A	26-11-1997	US 5916766 A	29-06-1999
			EP 0808899 A2	26-11-1997
			JP 10084977 A	07-04-1998
			US 6197931 B1	06-03-2001

**BLANK PAGE**